أسس
وراثة وتربية الحيوان

تأليف

د. ماهر حسب النبي خليل

أستاذ تربية ووراثة الحيوان، قسم إنتاج الحيوان وتربيته
كلية الزراعة والطب البيطري
جامعة القصيم



إدارة النشر العلمي والترجمة



بريدة - ص.ب. ٦٦٦٦ - ٥١٤٥٢

فهرسة مكتبة الملك فهد الوطنية أثناء النشر

خليل، ماهر حسب النبي

أسس وراثة وتربية الحيوان. / ماهر حسب النبي خليل. بريدة، ١٤٢٨هـ

٤٩٦ ص؛ ١٧× ٢٤ سم.

ردمك : ٥-٢-١-٩٩٠١-٩٩٦٠

١- الوراثة الحيوانية ٢- الحيوانات - تربية أ- العنوان

ديوي ٥٩١,١٥ ١٤٢٨/٢٢١٢

رقم الإيداع : ١٤٢٨/٢٢١٢

ردمك : ٥-٢-١-٩٩٠١-٩٩٦٠

حكمت هذا الكتاب لجنة متخصصة شكلها المجلس العلمي بالجامعة، وقد وافق على نشره بعد اطلاعه على تقارير المحكمين، وعلى موافقة لجنة النشر بالمجلس في اجتماعها الثاني للعام الدراسي ١٤٢٥/ ١٤٢٦هـ، الموافق ٣٠/ ٥/ ٢٠٠٥م.

إهداء

- إلى طلاب الإنتاج الحيواني والطب البيطري بكلية الزراعة والطب البيطري بجامعة القصيم.
- إلى كل طلاب مرحلة البكالوريوس والدراسات العليا والباحثين في مجال وراثة وتحسين الحيوانات الزراعية وأعضاء هيئة التدريس بجامعات وطننا العربي العزيز.
- إلى الهيئات البحثية الحكومية والمنظمات الدولية التي تخطط لبرامج التحسين الوراثي للحيوانات الزراعية في بلداننا العربية من المحيط إلى الخليج.

مع الدعاء أن يوفقنا الله وإياكم،،،

المقدمة

اللهم لا علم لنا إلا ما علمتنا وأحمدك ربي على توفيقي في إعداد هذا الكتاب وأدعو الله العلي القدير أن يكون في هذا الكتاب النفع للمهتمين بدراسة وراثة وتربية الحيوان في الوطن العربي.

من أجل تخطيط برامج التربية من انتخاب وخلط بين السلالات للقطعان أو العشائر الحيوانية المحلية الموجودة بالوطن العربي يلزم معرفة الجوانب والخصائص الوراثية لهذه العشائر والكروموسومات وتحديد الجنس في الحيوانات الزراعية والطيور وأنماط تعبيرات الجين والارتباط والعبور والطفرات والأليلات المتعددة والأثر المتعدد للجين والوراثة المرتبطة والمتأثرة والمحددة بالجنس وخرائط الجينات وتحليل الجينوم وتكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني وأثر الطفرة والهجرة والانتخاب على تكرار الجين والتباين الوراثي ومتوسط أثر وإبدال الجين والقيمة التربوية للتراكيب الوراثية والقيم الوراثية وانحرافات السيادة والتباين التفوقي ومعامل القرابة والتغاير الوراثي التجمعي والسيادي بين الأقارب ومعامل التربية الداخلية وأثر التربية الداخلية على التباين الوراثي ومتوسط العشيرة وقوة الهجين الناتجة عن خلط السلالات.

ولتغطية الجوانب السابقة يلزم ذلك دراسة النقاط المختلفة لهذه الجوانب بعمق وراثي مع استخدام النظريات الحديثة في الوراثة الجزيئية ووراثة العشائر والوراثة الكمية والتقنيات الحيوية الحديثة لمعرفة الجوانب الوراثية التي تفيد برامج التربية والتحسين الوراثي للحيوان.

فالتقنيات الحيوية الحديثة المستعملة في مجال الإنتاج الحيواني تتمثل في نقل الأجنة واستخدام الأنثى كحاضنة وتحسين التوائم في الأغنام واستخدام الحيوانات في إنتاج بروتينيات ذات قيمة علاجية عالية بالنسبة للإنسان بعد إدخال جينات آدمية إليها ..... وخلافه من التقنيات. ويمثل الاستنساخ قفزة في ميدان التحسين الوراثي لحيوانات المزرعة. ويهتم الجانب التطبيقي للهندسة الوراثية بالتدخل في المادة الوراثية (الجينات) بهدف الوصول في وقت سريع إلى صفات ذات مقياس عالي في ميادين الإنتاج أو مقاومة الأمراض. وبالرغم من التخوفات الحالية من خطورة استعمال الاستنساخ في بعض المجالات المعينة فإن الاستنساخ سيلعب دورا مهما في مستقبل الإنتاج الحيواني في العالم. ويمكن اعتباره في هذا المجال أداة لها القدرة على الحصول على تراكيب وراثية ثابتة ومطابقة لتراكيب الحيوانات ذات الإنتاجية العالية والقيم الوراثية المرغوب فيها لأداء الحيوان في أوقات سريعة وموجزة. فهناك سلالات من الحيوانات تحتوي خلاياها على كروموسوم يحمل بعض الجينات تمكن الحيوان من مقاومة بعض الأمراض. وقد تمكن العلماء من عزل هذه الكروموسومات وإدخالها إلى خلايا حيوان آخر أظهر مقاومة لبعض الأمراض.

مما سبق ذكره نشأت فكرة إعداد هذا الكتاب ولعلي أطمح في أن يلبي هذا الكتاب حاجة طلاب مرحلة البكالوريوس والدراسات العليا والباحثين والهيئات البحثية الحكومية في الوطن العربي إلى مرجع يساعدهم في فهم الأسس النظرية من وراثة العشائر والوراثة الجزيئية وطرق التربية وكذلك التقنيات الحيوية الحديثة التي تفيد في التحسين الوراثي في الحيوانات الزراعية. ولقد روعي أن يحتوي الكتاب مفردات مقرر أسس تربية الحيوان المقرر لطلاب قسم إنتاج الحيوان وتربيته ومقرر وراثة وتربية الحيوان لطلاب الطب البيطري بقدر المستطاع بالإضافة إلى بعض الموضوعات المهمة التي تفيد طلاب الدراسات العليا الذين يدرسون في مجال وراثة وتربية الحيوان بوطننا العربي العزيز.

والمراجع المرفقة بالكتاب وخاصة المتعلقة بالتقنيات الحيوية الحديثة معطاة لمصادر بيانات تجريبية على الحيوان خلال العشر سنوات الأخيرة وهي في الغالب أوراق بحث أكثر حداثة حيث يجد القارئ ما يفيده في المواضيع المختلفة في مجال التقنيات الحيوية الحديثة ومن ثم إمكانية التحسين الوراثي للحيوانات الزراعية من خلال استخدام هذه التقنيات.

وجدير بالذكر أن هناك ثمة كتابا مكملا لهذا الكتاب لنفس المؤلف تحت مسمى «التحسين الوراثي للحيوان» وهو يشتمل على خمسة عشر فصلا حيث يتناول الفصل الأول بعض التعاريف للمصفوفات الخاصة وعملياتها الرياضية واستخداماتها في نماذج وطرق التقييم الوراثي للحيوان، والفصل الثاني تناول تعديل السجلات للعوامل غير الوراثية وتقدير الكفاءة الإنتاجية للحيوان، والفصل الثالث تناول مفهوم الأسس الوراثية للتحسين الوراثي من خلال الانتخاب، والفصل الرابع تناول التحسين الوراثي لصفة واحدة من خلال الانتخاب لمظهر الصفة (الانتخاب الفردي والعائلي وداخل العائلة)، والفصل الخامس تناول التحسين الوراثي لصفة واحدة من خلال الانتخاب باختبار النسل، والفصل السادس تناول التقييم والتحسين الوراثي للحيوان لصفة واحدة باستخدام معلومات الأسلاف والأقارب، والفصل السابع تناول التقييم والتحسين الوراثي للحيوان باستخدام مصادر متعددة من السجلات، والفصل الثامن تناول التحسين الوراثي من خلال الانتخاب لأكثر من صفة، والفصل التاسع تناول التقييم الوراثي للحيوان باستخدام النموذج الأبوي Sire model لصفة واحدة وعند توافر سجل واحد لكل نسل، والفصل العاشر تناول التقييم الوراثي باستخدام نموذج الحيوان Animal model لصفة واحدة عند توافر سجل واحد للحيوان، والفصل الحادي عشر تناول التقييم الوراثي باستخدام نموذج الحيوان Animal model لصفة واحدة في حالة تعدد السجلات للحيوان Repeatability model، والفصل الثاني عشر تناول التحسين الوراثي في الحيوانات الزراعية من خلال خلط السلالات، والفصل الثالث عشر تناول

التحسين الوراثي من خلال الانتخاب لقدرة التوافق العامة والخاصة لإنتاج الهجن التجارية في الحيوانات الزراعية، والفصل الرابع عشر تناول التقييم الوراثي للحيوان باستخدام التقنيات الحيوية الحديثة في التناسل والانتخاب باستخدام الواسمات الوراثية Marker-Assisted Selection (MAS) للمواقع الجينية للصفات الكمية Quantitative Traits Loci (QTL)، والفصل الخامس عشر تناول استراتيجية التحسين الوراثي للحيوانات الزراعية في المنطقة العربية.

ولا يفوتني في النهاية أن أشكر الدكتور صلاح جلال أستاذ تربية ووراثة الحيوان بكلية الزراعة جامعة عين شمس بمصر والخبير بمنظمة الأغذية والزراعة بالأمم المتحدة الذي شجعني على كتابة هذا المؤلف وقد كان كتابه في تربية الحيوان دليلا جيدا في إعداد هذا المؤلف.

المؤلف

المحتويات

الموضوع | الصفحة

الفصل الثاني : بعض التقنيات الحيوية والوراثية المستخدمة في تربية وتحسين الحيوان

الفصل الثالث : التوصيف الوراثي للعشيرة التي تحكمها الجينات الجسمية

الفصل الرابع: التوصيف الوراثي للعشيرة الحيوانية والداجنة التي تحكمها الجينات المرتبطة بالجنس

الفصل السادس: التوازن بين الانتخاب والطفرة بالعشيرة التي تحكمها الجينات الجسمية

الفصل السابع: التباين المظهري بالعشيرة التي يحكمها الجينات الجسمية

الفصل الثامن: القرابة والتغاير الوراثي بين الأقارب في العشيرة الحيوانية

الفصل الحادي عشر: خلط السلالات ونظرية قوة الهجين وتقدير المكونات الوراثية في الأفراد الناتجة عن الخلط

الفصل الثاني عشر: تقدير التغاير الوراثي بين الأقارب والمكافئ الوراثي للصفات الكمية

الفصل الثالث عشر: مفهوم وأهمية وتقدير المعامل التكراري للصفات الكمية

الفصل الرابع عشر: مفهوم وأسباب وأهمية وتقدير التلازم الوراثي والمظهري والبيئي للصفات الكمية

الفصل الخامس عشر: الأسس الوراثية للانتخاب

قائمة الأشكال

الصفحة

قائمة الجداول

الصفحة

الفصل الأول

بعض المبادئ الوراثية المستخدمة في تربية وتحسين الحيوان

قبل تناول الموضوعات الرئيسة في تربية الحيوان رأينا أن نقوم بتعريف واستعراض بعض الأسس الوراثية التي تعترضنا في هذا المجال.

(١,١) السلالة والعشيرة الحيوانية
Breed and Animal Population

السلالة هي مجموعة من الحيوانات تنتمي إلى نوع واحد وتنشأ في منطقة معينة وترتب على ذلك أن تتماثل فيها صفات اللون والشكل والملامح والحجم والخصب والإنتاج إلى حد كبير يتيح تميزها عن باقي السلالات الأخرى للنوع نفسه. والعشيرة الحيوانية هي عبارة عن مجموعة من الحيوانات تشترك فيما بينها في صفة متغيرة أو أكثر ويمكن أن تتزاوج فيما بينها لذا فقد تكون قطيعا Herd صغيرا، أو قطيعا كبيرا، وقد تكون سلالة Breed، أو نوعا Species بأكمله. وقد نشأت السلالات متحملة للظروف البيئية كالعوامل المناخية والجغرافية وتوافر الغذاء وكذلك طبقا لرغبة الناس في أن تؤدي حيوانات السلالات وظائف معينة. ولقد قامت منظمة الأغذية والزراعة بالأمم المتحدة FAO بإصدار كتاب عن السلالات (Mason, 1981) يشتمل نشأة السلالات من الحيوانات الزراعية والدواجن على مستوى العالم وكذلك بعض الخصائص المظهرية والوراثية التي تميز كل سلالة.

(١, ١, ١) نشأة السلالات وإقامة جمعيات السلالات

عند تكوين سلالة ما واتضاح معالمها ومميزاتها المظهرية والوراثية تنشأ الحاجة إلى الحفاظ على هذه السلالة وزيادة قدرتها التنافسية مع السلالات الأخرى. وفي كثير من الدول المتقدمة تأخذ جمعيات السلالات على عاتقها مهمة وضع نظم دقيقة للتسجيل تجعل المعلومات تسير في دورة من المنتج إلى مراكز تجميع المعلومات و ترتيب البيانات وتحليلها ثم تعود إلى المنتج في صورة إرشادات لتقود خطاها إلى الأحسن ولتمدها بكل جديد من المعلومات في التربية والرعاية والتغذية وخلافه. فمثلا تقوم جمعيات السلالات في الولايات المتحدة الأمريكية وبريطانيا بالتعاون مع الجهات البحثية والإرشاد في تسجيل البيانات للحيوانات الزراعية. وأهمية التسجيل يتمثل في تتبع النسب والإنتاج والنسل مما يسهل عمليات الانتخاب والاستبعاد لتحسين مستوى القطيع وتتبع النمو لمتابعة حالة الحيوان ولوضع المعدلات المناسبة للتغذية وتتبع الخصب لتدارك نقص الكفاءة التناسلية وتتبع الحالة الصحية للحيوانات. ولهذه الأسباب يهتم المربون بإقامة جمعية لكل سلالة ووضع نظام لسجل النسب Herd book . وجدير بالذكر هنا أن نشير إلى أن المنطقة العربية لا يوجد بها جمعيات للسلالات ولكن توجد بعض جمعيات هواة أو روابط للمربين في الدجاج والأرانب والأغنام والماعز والجاموس المصري.

وفيما يلي توضيح لنشأة بعض السلالات من الحيوانات الزراعية المختلفة :

١ – في الماشية

نشأت سلالة الفريزيان Friesian : في مقاطعة فريزلاند بهولندا (وسط أوروبا) كماشية متخصصة في اللبن حيث يتوافر للسلالة في هذه المقاطعة ظروف مناخية مناسبة من جو معتدل مائل للبرودة وكثرة المراعي الخضراء.

سلالة الجيرسي Jersey : من ماشية اللبن الأصيلة والتي نشأت في جزيرة جيرسي ببحر المانش وهي من أقدم السلالات التي تم فيها الانتخاب لتحسين صفات إنتاج اللبن.

سلالة الهيرفورد Hereford : من ماشية اللحم نشأت في مقاطعة هيرفورد بإنجلترا وهو من أقدم السلالات الإنجليزية المحسنة لغرض إنتاج اللحم.

سلالة هاريانا من الأبقار ذات السنام واللبب والتي نشأت في الهند وتم انتخابها تحت ظروف المناخ الحار وتستخدم أساسا للعمل.

٢- في الأغنام

سلالة المرينو Merino : شأت في أسبانيا تحت ظروف رعوية ارتحالية ومراعي محدودة الجودة وظروف مناخية معتدلة وتم الانتخاب فيها لصفات إنتاج الصوف.

سلالة السفولك Suffolk : نشأت في بريطانيا تحت ظروف مناخية ورعوية جيدة وتم الانتخاب فيها لصفات إنتاج اللحم.

٣- في الماعز

سلالة الدمشقي Damascus : نشأت في الشام تحت ظروف مناخية ورعوية معتدلة وتم الانتخاب فيها لصفات إنتاج اللبن واللحم متمثلة في كثرة عدد الخلفة في الولادة الواحدة.

سلالة الأنجورا Angora : نشأت في تركيا تحت ظروف مناخية معتدلة بالشتاء ومائلة للحرارة بالصيف وتضاريس وعرة وتم الانتخاب فيها لصفات الشعر الجيد المسمى بالموهير.

٤- في الحصان

نشأ الحصان العربي في الجزيرة العربية تحت ظروف مناخية حارة وتضاريس وعرة مع عدم توافر المرعي والعلف الأخضر.

٥- في الدجاج

سلالة الليجهورن الأبيض : نشأت تحت ظروف حوض البحر الأبيض المتوسط المعتدلة وتم الانتخاب فيها لصفات إنتاج البيض.

سلالة البليموث روك المخطط Barred plymouth rock : نشأت في الولايات المتحدة الأمريكية تحت ظروف معتدلة وتم الانتخاب فيها لصفات إنتاج البيض واللحم.

٦- في الأرانب

سلالة النيوزيلندي الأبيض المستنبطة حديثا في الولايات المتحدة الأمريكية عام ١٩٢٥م من خلط الفلمش مع الأنجورا مع الأمريكي الأبيض ثم الانتخاب لصفات اللحم والفرو. وجدير بالذكر هنا أن ثمة كتابا باللغة الإنجليزية تم نشره من خلال المركز الدولي للدراسات الزراعية المتقدمة بالبحر المتوسط والمعروف باسم CIHEAM لمؤلف هذا الكتاب نفسه (Khalil and Baselga, 2002) تناول الخصائص المظهرية والوراثية للصفات في سلالات الأرانب ببلدان البحر المتوسط.

(١, ١, ١) تكوين جمعيات التربية

هي جمعيات هدفها الرئيس التحسين الوراثي في الحيوانات الزراعية المختلفة وذلك من خلال إقامة مراكز لجمع وحفظ السائل المنوي ويمكن استخدام التقنيات الحيوية الحديثة في التحسين الوراثي. وفي الدول المتقدمة تم تكوين جمعيات التربية من خلال الجامعات والمراكز البحثية والوزارات إذ تساهم هذه الجمعيات في تطوير مجال تربية وتحسين الحيوانات الزراعية بتحقيقها الأغراض التالية :

١- تحديد صفات السلالة وتحسينها.

٢- تبادل الخبرات بين المربين.

٣- الإرشاد والتوجيه لما يستجد من وسائل تربية وطرق تحسين حديثة.

٤- منح الجوائز وتشجيع المربين المتفوقين بجوائز مادية مجزية.

٥- تحديد أهداف التحسين الوراثي لكل سلالة أو على الأقل لأهم سلالات الأبقار أو الأغنام أو الماعز أو الإبل أو أي حيوانات أخرى.

٦- إنشاء بنك للمعلومات لإجراء التقييم الوراثي بتقدير القيم التربوية.

٧- توزيع الجينات من خلال التلقيح الاصطناعي ونقل الأجنة والاستنساخ.

(١, ٢) الكروموسومات (الصبغيات) في الحيوانات الزراعية والطيور

الكروموسومات هي جسيمات خيطيه الشكل تتكون من مادة كروماتينية توجد سابحة في نواة الخلية. في الخلايا الجسمية Somatic cells وتوجد هذه الكروموسومات في أزواج (في حالة زوجية 2N) وتعرف بأنها كروموسومات الخلايا الجسمية الزوجية Diploid chromosomes. وقد وجد أن الفحص الميكروسكوبي يتيح تمييز كل زوج من هذه الكروموسومات عن بقية الأزواج الأخرى.

وإذا تتبعنا عمليات تكوين الخلايا التناسلية في الغدد الجنسية واندماج الخلايا المذكرة (الحيوانات المنوية) بالخلايا المؤنثة (البويضات) يلاحظ أن أحد كروموسومي (صبغي) كل زوج من هذه الكروموسومات الشقيقة يأتي من أحد الأبوين بينما يأتي الكروموسوم الآخر من الأب الآخر.

يسمى عدد الكروموسومات الزوجية التي توجد في الخلايا الجسمية بالعدد الكروموسومي Chromosomal number وهذا العدد ثابت لكل نوع Species من أنواع الحيوانات الزراعية وغالبا ما يختلف من نوع لآخر. والجدول رقم (١, ١) يوضح العدد الكروموسومي للخلايا الجسمية في بعض الحيوانات الزراعية.

(١, ٣) تحديد الجنس في الحيوانات الزراعية والدواجن

من العدد الكروموسومي (الصبغي) في كل من الذكر والأنثى يلاحظ أن هناك زوجا واحدا من الكروموسومات يكون مسئولا كليا أو جزئيا عن وراثة صفات الجنس الأساسية Primary sex characteristics ويسمى هذا الزوج بكروموسومات الجنس Sex chromosomes – أما باقي أزواج الكروموسومات فهي مسئوله عن وراثة باقي صفات الحيوان وتسمى بالكروموسومات الجسمية Autosomes .

الجدول رقم (١,١). عدد الكروموسومات (الصبغيات) للخلايا الجسمية في بعض الحيوانات الزراعية.

الجنس	عدد الكروموسومات	الجنس	عدد الكروموسومات	الجنس	عدد الكروموسومات
الإبل	٣٧ زوجا	الماعز	٣٠ زوج	الدجاج	٣٩ زوجا
الحصان	٣٢ زوجا	الأغنام	٢٧ زوجا	البط	٤٠ زوجا
الحمار	٣١ زوجا	الأرانب	٢٢ زوجا	الحمام	٤٠ زوجا
الأبقار	٣٠ زوجا	الخنزير	٢٠ زوجا	الرومي	٤١ زوجا

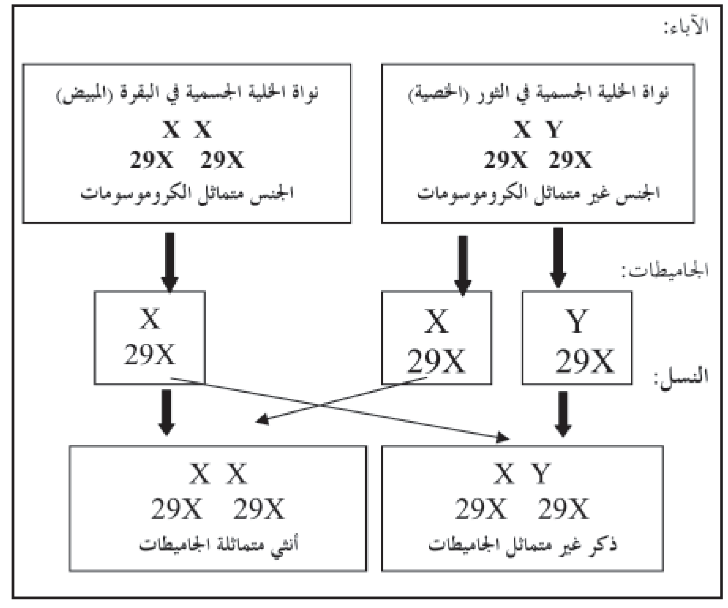
في الخلايا الجسمية لكلا الجنسين يلاحظ أن كل زوج من أزواج الكروموسومات الشقيقة متماثل تماما في الشكل Homologous فيما عدا زوج كروموسومات الجنس الذي يكون متماثلا في أحد الجنسين وغير متماثل في الجنس الآخر ويسمى الجنس الذي يتماثل فيه كروموسومات الجنس بالجنس متماثل كروموسومات الجنس Homogametic sex ، كما يسمى الجنس الذي لا تتماثل فيه كروموسومات الجنس بالجنس غير متماثل كروموسومات الجنس Heterogametic sex، وفي الثدييات تكون كروموسومات الجنس متماثلة في الإناث وغير متماثلة في الذكور - أما في الطيور فنلاحظ العكس إذ تتماثل كروموسومات الجنس في الذكور ولا تتماثل في الإناث. هذا وقد أثبت الدراسات أن هذا الكروموسوم يسمىX-Chromosome في الثدييات و Z-Chromosome في الطيور أما الكروموسوم الآخر فيسمى Y-chromosome في الثدييات وW-Chromosome في الطيور. وعلى هذا الأساس فان التركيب الكروموسومي لكروموسومات الجنس تكون XX في أنثى الثدييات، XY في ذكور الثدييات بينما تكون ZZ في ذكور الطيور، ZW في إناث الطيور.

أما في الخلايا التناسلية سواء كانت مذكرة أو مؤنثة فتكون الكروموسومات بحالة فردية (N) بسبب أنه يطرأ عليها انقسام اختزالي وعلى هذا الأساس فإن كل زوج من أزواج العدد الكروموسومات في الخلايا الجسمية يكون ممثلا بكروموسوم فردي في الخلايا التناسلية. ووراثيا يتم تحديد الجنس في كل من الحيوان والطيور كما يلي:

	في الثدييات		في الطيور	
الآباء	ذكر XY	أنثي XX	أنثي ZW	ذكر ZZ
الجاميطات (الأعراس)	X Y	X	Z Y	Z
نسل الجيل الأول F1	ذكر XY	أنثي XX	أنثي ZW	ذكر ZZ

(١, ٣, ١) تحديد الجنس وراثيا في الأبقار

يتم تحديد الجنس في الأبقار كما هو موضح بالشكل رقم (١,١).

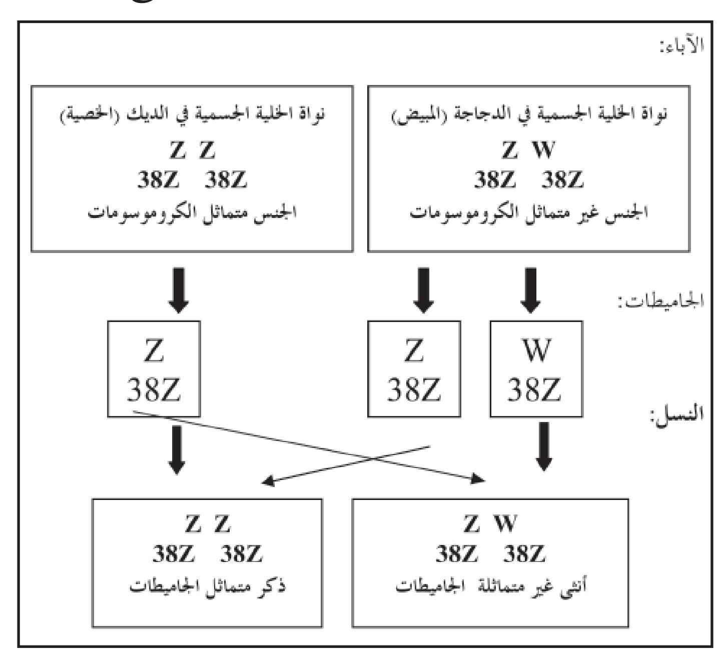


الشكل رقم (١ ,١). تحديد الجنس وراثيا في الأبقار.

(٢ ,٣ ,١) تحديد الجنس وراثيا في الدجاج

يلاحظ أن ذكر الدجاج (الديك) يحتوي في بنيته الوراثية على ٣٨ زوجا من الكروموسومات الجسمية Autosomes وزوج واحد من الكروموسومات الجنسية Sex chromosomes ولذلك فهو يعطي حيوانات منوية متماثلة في الجسمية وصبغي جنسي واحد، ولذلك يطلق على ذكر الدجاج بأنه متماثل الجاميطات (الأعراس) -Homo

gametic sex. أما أنثى الدجاج فتمتلك ٣٨ زوجا من الكروموسومات الجسمية وزوجا واحدا من الكروموسومات الجنسية ولكنها تعطي بيوضا إما أن تحتوي علي الصبغي الجنسي z أو خالية من هذا الكروموسوم الجنسي، ولذلك يطلق على أنثى الدجاج بأنها متخالفة الجاميطات Hetero- gametic sex. فعند اتحاد الحيوان المنوي بالبويضة التي تحتوي على كروموسوم z فإن الفرد الجديد يمتلك ٣٨ زوجا من الكروموسومات الجسمية وزوجا واحدا من الكروموسومات الجنسية ويكون ذكرا. أما إذا اتحد الحيوان المنوي بالبويضة الخالية من الكروموسوم z فإن الفرد الجديد يمتلك ٣٨ زوجا من الكروموسومات الجسمية وزوجا واحد من الكروموسومات الجنسية ويكون أنثى. ويمكن تمثيل تحديد الجنس في الدجاج وراثيا كما هو موضح في شكل رقم (٢ ,١). ومن هذا الشكل يلاحظ أن عدد الكروموسومات الجسمية متساو في كل من الذكور والإناث في الدجاج والاختلاف فقط في عدد الكروموسومات الجنسية، ولذلك يمكن التعبير عن الكروموسومات الجنسية بالتركيب zz ولأنثى الدجاج بالتركيب zw .



الشكل رقم (٢ , ١). تحديد الجنس وراثيا في الدواجن.

(١, ٤) الأحماض النووية والجينات

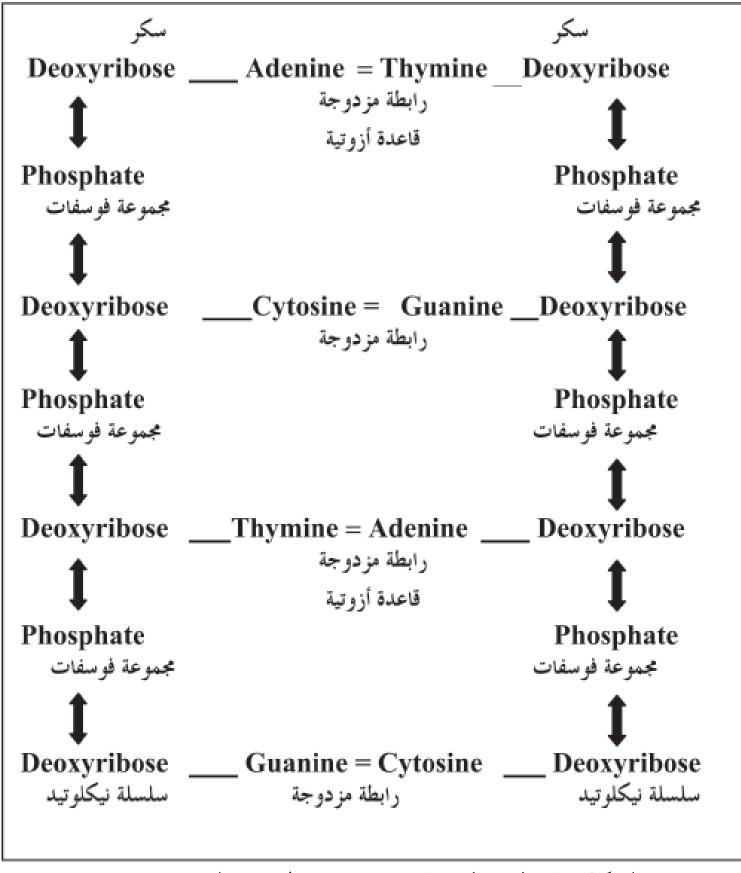
(١, ٤, ١) الأحماض النووية

اكتشف العلماء أن الخلية تحتوي على نوعين من الأحماض النووية Nucleic acids أحدهما يسمى Deoxyribonucleic acid ويرمز له بالرمز DNA، والثاني يسمى Ribonucleic acid ويرمز له بالرمز RNA. ويوجد الحمض النووي DNA في النواة، وغالبا ما يوجد الحمض RNA في السيتوبلازم. وهناك شبه اتفاق بأن الجينات تتركب من الحمض DNA.

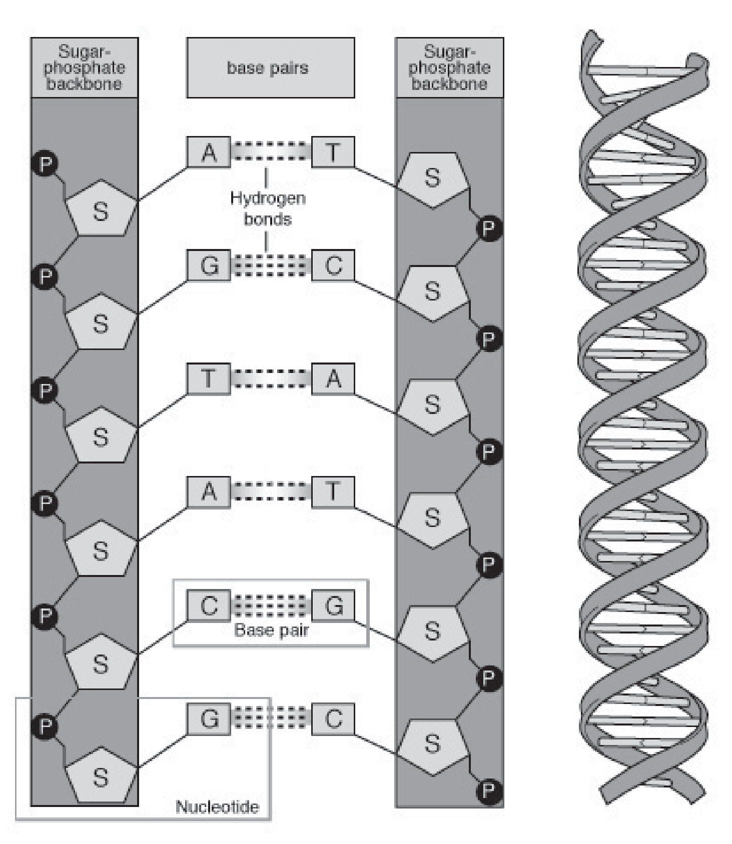
هذا قد وجد أن الجزيء DNA يتكون من سلسلتين متوازيتين من Nucleotides تلتفان في شكل حلزوني، وأن كل Nucleotide يتكون من قاعدة أزوتية Purine أو Pyrimidine تتحد مع سكر Deoxyribose ثم تتحد كل Nucleotide مع Nucleotide الذي تليها في كل من السلسلتين بمجموعة فوسفات وترتبط كل Nucleotide في إحدى السلسلتين بنظيرتها في السلسلة الأخرى برابطة مزدوجة بين القاعدتين الأزوتيتين (وفي معظم الكائنات الحية نجد أن قاعدة Purines يمثلها الآدنين Adenine والجوانين Guanine، أما قاعدة Pyrimidine فيمثلها السيتوسبنCytosine والثايمين Thymine وتكون الرابطة المزدوجة بين Adenine ، Thymine أو بين Cytosine، Guanine، وبذلك يأخذ الجزيء DNA شكل السلم الحلزوني إذ تشكل مجموعات الفوسفات وسكر Deoxyribose الجوانب كما تشكل مجموعات القواعد الآزوتية درجات السلم الحلزونية. وبذلك يتركب الجزيء DNA كما هو موضح بالشكل رقم (١, ٣). ونتيجة للتغير في نسبة سلاسل الجوانين – سيتوسين Guanine-Cytosine إلى الادنين – ثايمين Adenine-Thymine أو تواليها لبعضها البعض تحدث تغيرات في طبيعة تركيب الجين – فإذا علمنا أن سلسلة DNA طويلة جدا نسبيا وأن أي تغير في ترتيب أو تتابع هذه السلسلة DNA Sequencing أو في عدد جزيئات النيكلوتيدات Nucleotides يؤدي إلى تغير في تركيب الجين فإنه يمكن تصور الاختلافات الهائلة التي توجد بين الجينات بعضها البعض. هذا وقد أوضحت الدراسات أن وظيفة الجينات في إظهار الصفات ذات طبيعة كيماوية.

(٢ ,٤ ,١) الجينات (المورثات) Genes

الجينات (المورثات) هي وحدات المادة الوراثية Genetic material وتحملها الكروموسومات في مواقع Loci متجاورة. وفي الخلايا الجسمية توجد الجينات في أزواج وعادة لا يحتوي أي موقع Locus على أكثر من زوج واحد من الجينات. ومن المعروف أن أحد الأليلات لأي موقع يأتي من أحد الأبوين والجين الآخر يأتي من الأب الآخر حيث من خلال عملية التناسل ينقل كل أب (ذكر كان أم أنثى) إلى كل من أبنائه جينا واحدا من كل زوج من جيناته. وعند اندماج الجاميطة المذكرة والجاميطة المؤنثة يتحدد أي الجينين من كل زوج الذي ينتقل إلى أي من أبنائه. وعليه فإن كل أب يعطي كل فرد من أبنائه نصف الجينات التي يحملها.



الشكل رقم (١,٣). تركيب جزيء الحمض النووي DNA.



تابع الشكل رقم (١,٣). تركيب جزيء الحمض النووي DNA.

ومن المعلوم أن المورثات في الخلايا التناسلية توجد في نظام خطي يسمح بالازدواج عند حدوث الإخصاب أي عند اندماج نواتي الخليتين التناسليتين.

وتوجد الجينات على كل كروموسوم بالمئات وأحيانا بالآلاف ولكننا لا نعرف منها إلا تلك التي يختلف تأثير أليلاتها بالنسبة لبعضها. وتعد الجينات التي يحملها الحيوان في نوايا الخلايا هي المسئولة عن إظهار الصفات المختلفة لهذا الحيوان. هذا وقد تعتمد إحدى الصفات في ظهورها على زوج واحد فقط من الجينات بينما تعتمد صفة أخرى في ظهورها على أكثر من زوج وفي أحوال أخرى يكون زوج واحد من الجينات أو أكثر مسئولا عن إظهار أكثر من صفة في وقت واحد.

(١، ٥) أنماط تعبيرات الجين في الحيوان الزراعي Types of Gene Action

توجد أنماط مختلفة من تعبيرات الجين أهمها :

(١، ٥، ١) التأثير التجمعي أو المضيف Additive Effect

وفي هذا النمط من تعبيرات الجين يعطى كل جين تأثيره في مظهر الصفة بغض النظر عن تأثير الجين الآخر الذي يوجد معه في نفس الموقع أو تأثير الجينات الأخرى التي توجد ضمن تركيبه الوراثي.

مثال رقم (١). في جلد ماشية الشورتهورن يتحكم في لون الجلد زوج واحد من الجينات (الأليلات) نفرض أنهما الجين W ويعطى اللون الأحمر، والجين w ويعطى اللون الأبيض. وعليه فإن الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي WW يكون لونها أحمر، والأفراد التي تحمل التركيب الوراثي ww يكون لونها أبيض، بينما الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي Ww يكون لونها طوبي وهذا اللون ينشأ عن وجود اللون الأحمر الذي يعطيه الجين W واللون الأبيض الذي يعطيه الجين w.

مثال رقم (٢). لون الريش في الدجاج الأندلسي ويتحكم فيه زوج واحد من الجينات فالجين B يعطي اللون الأسود، والجين b يعطي اللون الأبيض، وعليه فإن الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي BB يكون لونها أسود، والأفراد التي تحمل التركيب الوراثي bb يكون لونها أبيض، أما الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي Bb يكون لونها أزرق، وهذا اللون ينشأ عن وجود اللون الأسود الذي يعطيه الجين B. واللون الأبيض الذي يعطيه الجين b. ومن البديهي أن الانتخاب للون الأزرق في الدجاج الأندلسي لابد وأن يتم كل جيل.

(١، ٥، ٢) التأثير السيادي Dominance Effect

وفي هذا النمط من تعبيرات الجين نجد أن تأثير الجين في مظهر الصفة يتوقف على تأثير أليله الذي يوجد معه في الموقع نفسه في الفرد الخليط. ويعد هذا النمط من تعبيرات الجين ناجما عن التفاعل بين أليلي الموقع الواحد Intra-allelic interaction ومن أمثلة هذا النمط من تعبيرات الجين :

مثال رقم (١). في ماشية الأبردين أنجس يتأثر لون الجلد بزوج واحد من الجينات فالجين R يعطي اللون الأسود، والجين r يعطى اللون الأحمر، ولكن الجين R يمنع تأثير الجين r ويسود عليه إذا وجدا الجينين في موقع واحد. لذلك نجد أن الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي RR يكون لونها أسود، وتلك التي تحمل التركيب الوراثي Rr يكون لونها أسود أيضا، بينما الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي rr يكون لونها أحمر. وفي هذه الحالة فإن استبدال الجين r بالجين R في التركيب الوراثي Rr له نفس الأثر عندما يتم نفس الاستبدال في التركيب الوراثي rr، أي :

$$\mathbf{Rr} \longrightarrow \mathbf{RR} \quad = \quad \mathbf{rr} \longrightarrow \mathbf{Rr}$$

مثال رقم (٢). يتأثر لون الجلد في دجاج اللحم بزوج واحد من الجينات فالجين Y يعطي اللون الأبيض، والجين y يعطي اللون الأصفر. ولكن الجين Y يمنع تأثير الجين y ويسود عليه إذا وجدا في موقع واحد ولذا فإننا نجد أن الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي YY يكون لون جلدها أبيض، وتلك التي تحمل التركيب الوراثي Yy يكون لون جلدها أبيض، بينما الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي yy يكون لون جلدها أصفر. وبالطبع في هذه الحالة فإن استبدال الجين y بالجين Y في التركيب الوراثي Yy يعطي التأثير نفسه عند استبدال الجين y بالجين Y في التركيب الوراثي yy. **أي** :

$$\mathbf{Yy} \longrightarrow \mathbf{YY} \quad = \quad \mathbf{yy} \longrightarrow \mathbf{Yy}$$

بالنسبة للصفات الكمية نجد أن هناك أمثلة مختلفة لحالات السيادة منها :

أ) حالات يؤدي فيها التفاعل بين أليلي الموقع الواحد إلى أن يتساوى مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب الوراثي الخليط مع مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب الوراثي متماثل الجين السائد (RR=Rr) كما هو الحال في المثالين السابقين. وتسمى هذه الحالات بحالات السيادة الكاملة Complete dominance.

ب) حالات يؤدي فيها التفاعل بين أليلي الموقع الواحد إلى أن يقترب مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب الوراثي الخليط من مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب الوراثي متماثل الجين السائد (RR≅Rr) والذي يفوق مظهر الفرد متماثل الجين المتنحي. وتسمى هذه الحالات بحالات السيادة غير التامة Incomplete dominance.

ج) حالات يؤدي فيها التفاعل بين أليلي الموقع الواحد إلى أن يزيد مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب الوراثي الخليط عن مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب الوراثي متماثل الجين السائد (Rr>RR) وأيضا الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي متماثل الجين المتنحي. وتسمى هذه الحالات بحالات فوق السيادة أو السيادة الفائقة Over -dominance.

(١, ٥, ٣) التأثير التفوقي Epistatic Effect

في هذا النمط من تعبيرات الجين يلاحظ أن التأثير الجيني لموقع ما في مظهر الصفة يتوقف على تأثير جينات أخرى توجد في موقع أو أكثر من المواقع الأخرى. وفي هذه الحالة فإن تأثير زوج من الأليلات يختلف من فرد لآخر باختلاف التراكيب الوراثية للمواقع الأخرى للأفراد. ويعد هذا التأثير ناشئا عن التفاعل بين الجينات في المواقع المختلفة Inter-allelic interaction. وعليه فإن استبدال الجين a بالجين A في فرد يحمل التركيب الوراثي aa في وجود BB في موقع آخر يعطي تأثيرا يختلف عما لو تم هذا الاستبدال في وجود bb في الموقع الآخر ويمكن التعبير عن ذلك في الصورة الآتية:

$$\mathbf{aa} \xrightarrow{\mathbf{BB}} \mathbf{Aa} \neq \mathbf{aa} \xrightarrow{\mathbf{bb}} \mathbf{Aa}$$

ومن أمثلة هذا النمط من تعبيرات الجين لون الريش في الدجاج اللجهورن . إذ يتحكم في هذه الصفة زوجين من الأليلات (الزوج الأول C ، c والمسئول عن وجود صبغة الكروموجين Chromogen، والزوج الثاني I، i والمسئول عن تثبيط لهذا الجين). الجين C لا يعطي لونا للريش إلا في وجود الجينين ii أي أن وجود الجين I يمنع تكوين المادة التي يستخدمها الجين C في إنتاج اللون. أما الجين c فهو لا يعطي لونا للريش وهو متنحي أمام الجين C .وعليه فإن التراكيب الوراثية الممكنة ولون الريش التي تحملها هذه الأفراد تكون كالآتي :

لون الريش	التركيب الوراثي
ريش غير ملون (أبيض)	CCII
ريش غير ملون (أبيض)	CCIi
ريش ملون	Ccii
ريش غير ملون	CcII
ريش غير ملون	CcIi
ريش غير ملون	ccii

وفي هذا المثال فإن استبدال الجين c بالجين C في الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي ccii يعطي تأثيرا مخالفا للتأثير الذي يحدث عندما يتم الاستبدال نفسه في أفراد تحمل التركيب الوراثي ccIi أو ccII.

$$\text{cc} \xrightarrow{\text{ii}} \text{Cc} \neq \text{cc} \xrightarrow{\text{II or Ii}} \text{Cc}$$

(١, ٦) أنواع ونسب الجاميطات التي ينتجها الفرد

- يعطي الفرد المتماثل الجينات نوعا واحدا من الجاميطات والأمثلة التالية توضح ذلك:

التركيب الوراثي للفرد	AA	BB	AACC	ddee	BBff	SSBBII
الجاميطات التي ينتجها الفرد	A	B	AC	de	Bf	SBI

- يعطي الفرد الخليط في جيناته أنواع مختلفة من الجاميطات (الأعراس) بعدد 2^n بنسب واحدة حيث إن n هي عبارة عن عدد أزواج الجينات الخليطة التي توجد في تركيبه الوراثي.
- في العشائر الحيوانية عشوائية التزاوج يكون عدد أنماط الجاميطات التي تعطيها عشيرة ما مساويا لأعداد الجاميطات التي تعطيها الأفراد الخليطة في هذه العشيرة.
- يمكن التعرف على أنماط الجاميطات التي تعطيها الأفراد الخليطة بطريقة التفرع المزدوج ومن أمثلة ذلك :

أ) إذا وجد حيوان تركيبه الوراثي **BbSs** فإنه يعطي الجاميطات بالنسب التالية :

		الجاميطة	النسبة
B	S	**BS**	**1**
	s	**Bs**	**1**
b	S	**bS**	**1**
	s	**bs**	**1**

ب) إذا وجد حيوان تركيبه الوراثي SsBbFf فإنه يعطي الجاميطات بالنسب التالية :

			الجاميطة	النسبة
S	B	F	**SBF**	**1**
		f	**SBf**	**1**
	b	F	**SbF**	**1**
		f	**Sbf**	**1**
s	B	F	**sBF**	**1**
		f	**sBf**	**1**
	b	F	**sbF**	**1**
		f	**sbf**	**1**

ج) وبالأسلوب نفسه يمكن التعرف على أنماط الجاميطات ونسبها في حالة وجود أي عدد من أزواج الجينات الخليطة في تركيبها الوراثي.

(١,٧) التراكيب الوراثية الناتجة من تزاوج أفراد خليطه ببعضها

١- عندما تتزاوج أفراد خليطه في زوج واحد من الأليلات فإنها تعطي أفرادا لها ثلاثة أنماط من التراكيب الوراثية بالنسب الموضحة بعد. فمثلا إذا تزاوج عدد من الأفراد ذات التركيب الوراثي **Aa** ببعضها فإن التراكيب الوراثية الممكن وجودها في الجيل الناتج ونسب هذه التراكيب تكون كما يلي:

التركيب الوراثي	aa	Aa	AA
النسبة	١	٢	١

٢- عندما تتزاوج أفراد خليطه في أكثر من زوج من الأليلات فإن عدد أنواع التراكيب الوراثية الممكنه في الجيل الناتج يكون مساويا للقيمة 3^n وتكون نسبة هذه التراكيب لبعضها مساويا للنسبة $(1:2:1)^n$ حيث n عبارة عن عدد أزواج الأليلات الخليطة.

أ) في حالة تزاوج أفراد خليطه تركيبها الوراثي BbEe مع بعضها فإنه يمكن التعرف على التراكيب الوراثية في الجيل الناتج ونسب هذه التراكيب كما يلي :

			الجاميطة	النسبة
BB 1	EE	1	=BBEE	1
	Ee	2	=BBEe	2
	ee	1	=BBee	1
Bb 2	EE	1	=BbEE	2
	Ee	2	=BbEe	4
	ee	1	=Bbee	2
bb 1	EE	1	=bbEE	1
	Ee	2	=bbEe	2
	ee	1	=bbee	1

ب) بالمثل يمكن التعرف على التراكيب الوراثية الممكنة (المتوقعة) في الجيل الناتج من تزاوج أفراد خليطه في أكثر من زوجين من الأليلات.

(١, ٨) مجاميع مظهر الصفات الناتجة من تزاوج أفراد خليطة ببعضها

١- في حالة عدم وجود السيادة (أي أن الجين ذو أثر تجمعي) فإن نسب مجاميع مظهر الصفة في الجيل الناتج من تزاوج الأفراد الخليطة ببعضها تكون هي نسب التراكيب الوراثية المتوقعة نفسها من هذا التزاوج. فمثلا في حالة زوج واحد من الجينات نجد النسبة هي ١ : ٢ : ١ لذا يكون هناك ثلاثة فئات مظهرية.

٢ـ أما إذا كان تعبير الجين سياديا :

أ) في حالة تزاوج أفراد خليطه في زوج واحد من الأليلات مع بعضها فإن نسبة الأفراد التي تحمل الصفة السائدة إلى الأفراد التي تحمل الصفة المتنحية يكون ٣:١.

ب) في حالة تزاوج أفراد خليطة في أكثر من زوج واحد من الجينات مع بعضها فإن نسب مجاميع مظهر الصفة في الجيل الناتج تكون $(3:1)^n$ حيث n عبارة عن عدد أزواج الجينات الخليطة. فمثلا في حالة زوجين من الجينات تكون النسبة هي ٩:٣:٣:١.

٣- إذا كان تعبير بعض الجينات سياديا وتعبير البعض الآخر تجمعيا فإنه ينتج عن تزاوج الأفراد الخليطة في هذه الجينات بعضها مع بعض جيلا تكون نسب مجاميع مظهر الصفة فيه مساويا لناتج تزاوج $(3:1)^n \times (1:2:1)^m$ حيث:

n = عدد أزواج الجينات الخليطة ذات الأثر السيادي.

m = عدد أزواج الجينات الخليطة ذات الأثر التجمعي.

والملحوظات التالية ناتج تزاوج أفراد خليطة بها بعض الجينات ذات أثر تجمعيا والبعض الأخر ذات أثر سياديا :

أثر سيادي للجين $^{n}(1 : 3)$	أثر تجمعي للجين $^{n}(1:2:1)$
وجود الجين P يسبب غياب القرون في الماشية وجود الجين p يسبب وجود القرون في الماشية النسبة الوراثية الناتجة في F_1 هي: 3P- : pp	وجود الجين W يسبب وجود اللون الأحمر في جلد الماشية وجود الجين w يسبب غياب اللون (أبيض) في جلد الماشية النسبة الوراثية الناتجة في F_1 هي: 1WW : 2ww : 1 ww

مثال: إذا فرض وجود زوجين من الأليلات (الزوج الأول P ،p فيه الجين P يسبب غياب القرون وهو سائد على الجين p الذي يسبب وجود القرون والزوج الثاني W، w له تأثر تجمعي وفيه الجين W يسبب وجود اللون الأحمر بينما الجين w يسبب وجود اللون الأبيض) وبتزاوج أفراد خليطة في هذين الزوجين من الجينات فإنه ينتج جيلا تكون نسب المجاميع المظهرية فيه مساوية للمعادلة: $^{m}(1:2:1)$ $^{n}(3:1)$ أي $^{1}(1:2:1)$ $^{1}(3:1)$ أي 3:6:3:1:2:1 وتكون النسب المظهرية كالآتي :

أبيض		طوبي		أحمر
1ww	:	2Ww	:	1WW
1pp		:		3P-

التركيب الوراثي	P-WW	P-Ww	P-ww	ppWW	PpWw	ppww
النسبة	٣	٦	٣	١	٢	١
مظهر الصفة	عديم القرون أحمر	عديم القرون طوبى	عديم القرون أبيض	له قرون أحمر	له قرون طوبى	له قرون أبيض

٤ – في حالة وجود تأثيرات تفوقيه Epistatic effects فإنه يمكن حساب النسب المتوقعة الناتجة من تزاوج الأفراد الخليطة في أزواج الجينات والتي تتفاعل مع بعضها إذا عرفت طريقة تعبير وسلوك هذه الجينات.

(٩, ١) الجينات المميتة Lethal genes

الجينات المميتة هي التي تسبب موت أو نفوق الحيوان. أما تلك التي تسبب له إصابة طبيعية فتسمى في هذه الحالة بأنها جينات شبه مميتة Semi-lethal genes؛ لأنها تسبب نفوق بعض الأفراد ونجاة البعض الآخر. ونفوق الحيوان بسبب الجينات المميتة قد يحدث قبل الميلاد (في الرحم للثدييات أو في البيضة للطيور) في المراحل المبكرة جدا أو في المراحل المتأخرة من التطور. وهناك أمثله كثيرة للجينات المميتة نذكر منها ما يلي:

١ـ مرض الاستسقاء في العجول Bulldog calves حيث يكون العجل مثل الكلب وله رأس كبير وأرجل قصيرة.

٢ـ مرض فتحة الشرج الناقصة في الأغنام Imperforate anus in sheep.

٣ـ مرض استسقاء الرأس في الماشية والأغنام Hydrocephalus in cattle and sheep.

٤ـ ظاهرة الدجاج الزاحف Creeper fowl. ولمزيد من التفاصيل عن توارث الجينات المميتة في الدواجن يمكن الإطلاع في كتاب خليل والحميدان ٢٠٠٣م "تربية وتحسين الدواجن" على معظم الظواهر التي نحكمها الجينات المميتة في الدجاج.

هذا وقد وجد أن الجينات المميتة التي تعبر عن نفسها قبل الميلاد قد يصعب تحديدها ولكن وجودها يكون عادة مشكوكا فيه عند التنبؤ بالتراكيب الوراثية إذا لم تشاهد الصفة على النسل ولذلك يجب الاهتمام بالنسل الذي يشك في سلامته باختباره قبل أي تزاوجات جديدة. وعلى العكس من ذلك يمكن أن يكون المحتوم هو السبب الفعلي لهذه الظاهرة، والجينات المميتة يمكن أن يكون تأثيرها سائدا وبالتالي يمكن مشاهدتها على الحيوان ويمكن أن يكون تأثيرها متنحيا، وبالتالي لا يظهر تأثيرها على الحيوان وفي هذه الحالة يصعب تحديدها.

مثال : إذا كان الجين السائد D يسبب نفوق الحيوان بينما الأليل d لا يسبب نفوق الحيوان (حيوان طبيعي) فإن الفرد الذي يحمل DD يموت، والفرد الذي يحمل Dd يموت بينما الفرد الذي يحمل dd يعيش طبيعيا.

(١,١٠) الارتباط والعبور
Linkage and Crossing-over

توجد الجينات على الكروموسوم الواحد بجوار بعضها في نظام طولي مثل حبات السبحة فإذا وجدت جينات متجاورة على الكروموسوم الواحد فيمكن أن ينتقلا مع بعضهما إلى الخلايا التناسلية عند الانقسام الاختزالي (ميوزي) ويقال أنه يوجد بين هذه الجينات ارتباط Linkage ويتوقف درجة هذا الارتباط على المسافة بينهما (المسافة العبورية) وهي تتناسب تناسبا عكسيا مع درجة الارتباط فكلما قلت هذه المسافة يزيد الارتباط، وكلما زادت يقل الارتباط إلى درجة معينة وينقطع الكروموسوم وتتبادل الجينات من كروموسوم إلى آخر. ولذلك يمكن تعريف العبور بأنه ظاهرة انتقال الجينات من أحد زوجي الكروموسوم إلى الآخر أثناء الانقسام الاختزالي نتيجة زيادة المسافة العبورية بين الجينات. والجاميطة الناتجة بعد حدوث العبور تدعى «جاميطة عبورية» أما إذا لم يحدث عبور فتسمى «جاميطة أبوية». ويسبب الارتباط بين الجينات على الكروموسومات بصفة عامة ارتباطا وراثيا بين الصفات وقد يكون موجبا أو سالبا.

ولتفسير العبور نفرض أن كروموسومات الآباء تنتظم عليهما الجينات كما هو موضح لاحقاً. وأن انتقال مجموعة من الجينات من كروموسوم إلى آخر يحدث على ثلاثة مراحل هي :

F E D C B A
F E D C B A
f e d c b a
f e d c b a

جاميطة أبوية

المرحلة الأولى: قبل بدء العبور

F E D C B A
F E D C B A
f e d c b a
f e d c b a

المرحلة الثانية : يبدأ حدوث كسر على الكروموسوم في المنطقة التي تزداد فيها المسافة بين الجينات المرتبطة Linked genes.

F E D C B A

f e d c B A

جاميطة عبورية

F E D C b a

f e d c b a

المرحلة الثالثة : إتمام عملية العبور ويتم تكوين تراكيب جديدة نتيجة حدوث العبور. وبهذه الكيفية تكون المواقع على طول الكروموسوم خليطة التأثير.

(١,١١) الطفرات Mutations

(١,١١,١) مضمون الطفرة وأسباب حدوثها :

تعرف الطفرة بأنها عبارة عن التغير العشوائي في تركيب الجين وهناك عوامل عديدة معروفة تسبب حدوث الطفرات مثل الأشعة فوق البنفسجية ودرجات الحرارة العالية جدا أو المنخفضة جدا، المواد الكيماوية، أشعة إكس X-rays والراديوم وغاز الخردل والإشعاعات ذات الطاقة العالية من أشعة جاما وألفا وبيتا.

هذا وينحصر تأثير الطفرات التي تحدث في الخلايا الجسمية في التأثير على الخلية التي تحدث فيها ولا ينتقل هذا الأثر من الآباء إلى الأبناء. أما الطفرات التي تحدث في الخلايا التناسلية فهناك فرصة لكي تنتقل من الآباء إلى الأبناء. وبهذه الكيفية كانت الطفرات هي السبب الرئيس لوجود اختلاف في توارث الصفات. والتغير العشوائي في تركيب الجين قد يكون كيماويا أو تركيبيا أو موضعيا أو حجميا. وتقسم الطفرات على أساس مكان حدوثها إلى:

١- طفرة تحدث داخل الجين Intra-genic mutation أو في نقطة معينة منه.

٢- تغيرات في كل الجينات الموجودة على الكروموسوم.

٣- تغيرات في جزء أو مجموعة معينة من كل الجينات الموجودة على الكروموسوم.

والطفرة دائما نادرة الحدوث ونسبتها بسيطة جدا ولكن هذه النسبة تختلف من أليل إلى آخر. ومعظم الطفرات تأثيرها متنحي ولكن بعضها سائد. ومن أمثلة الطفرات

السائدة هي طفرة عدم وجود القرون ويسببها جين سائد هو **P**. ومعدل حدوث الطفرة في جين معين ينحصر بين ١ / ١٠٠ ألف - ١ / مليون. فمثلا صفة الخرس والطرش التي تشمل مواقع عديدة وجد أن معدل الطفور المتوقع ٤٥٠ / مليون جاميطة لكل جيل. ومعظم الطفرات ضارة أو مميتة Lethal أو شبة مميتة Semi-lethal؛ لأن الحيوانات تكون في حالة توازن بيولوجي وحدوث الطفرة يؤدي إلى خلل في التوازن البيولوجي قد يؤدي إلى موت الحيوان أو تحدث له آثارا ضارة يترك له أثر ضار. وهناك أنماط من الطفرات لا يكون ضارا وفي نفس الوقت لا يكون مفيدا. ولكن هذا لا يعني عدم ظهور طفرات مفيدة على الإطلاق. فالطفرة التي ينتج عنها عدم وجود القرون Hornless في بعض سلالات الأبقار والتي اهتم بها المربون وعملوا على نشرها؛ لأنها سهلت لهم كثيرا من طرق الرعاية. هذا وفي معظم الأحيان يلاحظ أن الطفرة متنحية Recessive mutation والسبب في ذلك لم يتضح بعد. وعامة فإن الطفرة ضارة إلا في حالات خاصة هي:

١ - أن يكون الجين الأصلي أقل فائدة تحت الظروف البيئية السائدة.

٢- أن يكون أثرها ضئيل.

٣- أن يكون لها علاقة بصلاحية النوع والتي تسمى Mutation-type fitness relationship.

(١,١١,٢) أمثلة على الطفرات

١ـ تكوين سلالة الأنكون في الأغنام : استغل المربى البريطاني هذه الطفرة في تكوين سلالة أرجلها قصيرة لإنتاج الضأن Mutton وإن كانت الأرجل القصيرة ضارة تحت الظروف الطبيعية لاحتياج الأغنام لها في الرعي وخلافه ولكن تحت الظروف الجديدة للتربية والتسمين تصبح هذه الطفرة مفيدة. ومعنى ذلك أن الطفرة قد تكون ضارة تحت ظروف بيئية معينة ونافعة تحت ظروف بيئية أخرى.

٢ـ عدم وجود القرون في الحيوانات البرية : حدوث طفرة تسبب عدم وجود القرون في الحيوان قد تكون طفرة ضارة، ولكن في حيوانات التسمين عدم وجود القرون أفضل حيث إن عدم وجودها يقلل من شراسة الحيوان ويستفاد من ذلك بزيادة الكفاءة التحويلية للغذاء للحيوان.

٣ـ تقزم الماشية والخيول يسببه وجود طفرة.

٤ـ تكوين سلالات مختلفة من الكلاب. هناك اختلاف كبير جدا بين سلالات الكلاب Dog breeds كمثال للطفرات التي تسببت في ظهور سلالات جديدة من الكلاب.

أما بالنسبة للطفرات التي حدثت في الدواجن فلمزيد من التفاصيل عن توارثها يمكن الإطلاع في كتاب خليل والحميدان ٢٠٠٣م بعنوان "تربية وتحسين الدواجن" على معظم هذه الطفرات التي حدثت في الدواجن والتي كان سببها الجينات المميتة.

(١,١٢) الأليلات المتعددة Multiple Alleles

من المعروف في الخلايا الجسمية أن كل موقع جيني يشغله زوج واحد من الجينات وفي أغلب الأحوال يتبادل شغل هذا الموقع أليلين فقط. وقد أوضحت الأبحاث التي أجريت في وراثة الحيوان أنه قد يحدث في العشائر الحيوانية أن يتناوب شغل الموقع الواحد في العشيرة أكثر من أليلين. وتسمى هذه الظاهرة بظاهرة الأليلات المتعددة وتنشأ عن حدوث أكثر من طفرة في أحد أو كلا جيني الموقع الواحد، وفي مثل هذه الحالة قد يتناوب احتلال الموقع ثلاثة أليلات أو أكثر. ومهما كان عدد الأليلات التي تتبادل الموقع الجيني فإنه لا يمكن أن يشغله في وقت واحد أكثر من زوج منها في الخلايا الجسمية. ومن أمثلة الأليلات المتعددة ما يلي:

(١ ,١٢ ,١) الأليلات المتعددة التي تحكم وراثة مجاميع الدم في الإنسان

وجد أنه يتحكم في وراثة مجاميع الدم هذه ثلاثة أليلات تتبادل موقعا واحدا يمكن أن يرمز لها بالرموز A_1، A_2، A_3 :

١ – الأليل A_1 : وهذا الجين يسبب وجود الأنتيجين A في كرات الدم وهو يمنع تأثير الأليل A_3 ويسود عليه سيادة تامة ولكنه في نفس الوقت لا يمنع تأثير الأليل A_2 ولا يسود عليه (أثر الجين تجمعياً).

٢ـ الأليل A_2 : وهذا الجين يسبب وجود الأنتيجين B في كرات الدم وهو يمنع تأثير الأليل A_3 ويسود عليه سيادة تامة (أثر الجين سيادياً).

٣ـ الأليل A_3 : وهذا الجين يمنع تكوين أي أنتيجين في كرات الدم .

والجدول رقم (٢ ,١) يوضح توارث مجاميع الدم كأليلات متعددة والتراكيب الوراثية الممكن تكوينها.

الجدول رقم (٢ ,١). توارث مجاميع الدم كأليلات متعددة والتراكيب الوراثية الممكن تكوينها.

التركيب الوراثي	وجود الأنتجين في كرات الدم	مجموعة الدم
A_1A_1	A	مجموعة A
A_1A_3	A	مجموعة A
A_2A_2	B	مجموعة B
A_2A_3	B	مجموعة B
A_1A_2	A ، B	مجموعة AB
A_3A_3	O	مجموعة O

(١,١٢,٢) لون الفراء في الأرانب

أثبتت الدراسات أن هذه الصفة يحكم وراثتها موقع جيني واحد يتبادل شغله أربعة أليلات يرمز لها بالرموز C ، C^{ah}، c^h، c^a ويتضح أثرها فيما يلي :

١ - الأليل C : وهذا الأليل يعطي اللون البري (ملون تلوينا كاملا) وهو يسود سيادة تامة على الثلاث أليلات الأخرى ويتضح ذلك في الأرانب الجبلي وأرانب الفلمش جاينت Flemish giant.

٢ - الأليل C^{ch} : وهذا الأليل يعطي لون الشنشللا وهو ذات سيادة ناقصة عند وجود الأليلين الباقيين الثالث والرابع (c^h ،c^a) ويتضح ذلك في أرانب الشنشلا.

٣ - الأليل c^h : وهذا الأليل يعطي لون الهيمالايا (لون الجسم أبيض مع تلوين الأذن والأنف وأطراف الأرجل والذيل) وهو يسود سيادة تامة على الأليل الرابع (c^a) ويتضح ذلك في سلالة أرانب الكاليفورنيا.

٤ - الأليل c^a : وهذا الأليل يعطي اللون الأبيض ويتضح ذلك في سلالة أرانب النيوزيلندي الأبيض.

والجدول رقم (١,٣) يوضح توارث صفة لون فراء الأرانب كأليلات متعددة والتراكيب الوراثية الممكن تكوينها.

الجدول رقم (١,٣). توارث صفة لون فراء الأرانب كأليلات متعددة والتراكيب الوراثية الممكن تكوينها.

التركيب الوراثي	لون فراء الأرنب	حالة السيادة
CC	لون بري (ملون تلوينا كليا)	سيادة تامة للأليل C على الأليلات الثلاثة الأخرى
CC^{ch}	لون بري (ملون تلوينا كليا)	
Cc^{h}	لون بري (ملون تلوينا كليا)	
Cc^{a}	لون بري (ملون تلوينا كليا)	
$C^{ch}C^{ch}$	لون شنشللا	سيادة غير تامة للأليل C^{ch} على الأليل c^{h} ، c^{a}
$C^{ch}c^{h}$	رمادي خفيف	
$C^{ch}c^{a}$	رمادي خفيف	
$c^{h}c^{h}$	هيمالايا	سيادة تامة للأليل c^{h} على الأليل c^{a}
$c^{h}c^{a}$	هيمالايا	
$c^{a}c^{a}$	أبيض	متنحي

وفي بعض المناطق يتبادل الموقع ثلاثة أليلات مثل C ، c^{h} ، c^{a} وفي هذه الحالة يمكن حصر التراكيب الوراثية التي يمكن الحصول عليها لهذه الأليلات ويكون مظهر صفة لون فراء الأرانب كما يلي :

التركيب الوراثي	لون فراء الأرنب
CC	لون بري (ملون تلوينا كليا)
Cc^{h}	لون بري (ملون تلوينا كليا)
Cc^{a}	لون بري (ملون تلوينا كليا)
$c^{h}c^{h}$	هيمالايا
$c^{h}c^{a}$	هيمالايا
$c^{a}c^{a}$	أبيض

(١٣ ,١) الأثر المتعدد للجين
Pleotropic effect of gene

في كثير من الحالات يحدث أن يكون للجين الواحد أو لمجموعة من الجينات التي تؤثر في صفة من الصفات تأثير أيضا على صفة أخرى أو أكثر. فمثلا قد يلاحظ مورث من الجينات يؤثر في إنتاج الصوف في الأغنام وفي الوقت نفسه يؤثر في صفة إنتاج اللحم وتسمى هذه الظاهرة الأثر المتعدد للجينات وهي تسبب ارتباطا وراثيا دائما Permanent genetic correlation بين الصفات.

(١٤ ,١) الصفات الوصفية والصفات الكمية

عموما تنقسم الصفات في الحيوانات الزراعية إلى صفات وصفية وصفات كمية :

(١ ,١٤ ,١) الصفات الوصفية Qualitative characters

يتبع هذه الصفات كل الصفات الشكلية للحيوان والطائر مثل لون الجلد في الحيوان، لون الصوف أو الفرو، لون العين وغيره من الصفات. ومن خواص هذه الصفات ما يلي :

١- تتميز هذه الصفات بأن الاختلافات أو التباينات بين الأفراد تقع في فئات مظهرية محددة وواضحة. فمثلا طراز الريش قد يكون مخططا أو غير مخطط أو قد يكون لون الريش إما أسود أو أبيض، أو قد يكون شكل العرف إما ورديا أو باسلائيا أو جوزيا أو مفردا، وهكذا. ومن ثم فإن الأفراد لا تتوزع توزيعا طبيعيا في هذا النمط من الصفات.

٢- يتحكم في الصفات الوصفية عادة عدد قليل من أزواج الجينات، وبالتالي يمكن تتبع عملية انعزال الجينات ووضع كل فئة مظهرية في التركيب الوراثي الذي يقابلها.

٣- معظم الجينات التي تؤثر في الصفات الوصفية إما ذات أثر سائد أو متنحي.

٤- لا تتأثر هذه الصفات كثيرا بالظروف البيئية التي تحيط بالفرد.

٥- يمكن تحليل الاختلافات أو التباينات بين هذه الصفات بطرق إحصائية بسيطة.

(٢, ١,١٤) الصفات الكمية Quantitative Characters

يتبع هذه الصفات معظم الصفات الإنتاجية ذات الأهمية الاقتصادية، مثل إنتاج اللبن ومحصول الصوف وزن الجسم ومعدل النمو ومعدل التحويل الغذائي وصفات الذبيحة وإنتاج البيض وحجم البيضة وعمر النضج الجنسي وغيره من الصفات. ومن خواص هذه الصفات ما يلي :

١ – لا يمكن وضع التباينات أو الاختلافات بين الأفراد بالنسبة لمظهر هذه الصفات في فئات محددة ومنفصلة، بل إن التباينات مستمرة ابتداء من الحد الأدنى لمظهر الصفة إلى الحد الأعلى. ومن ثم فإن الأفراد تتوزع طبيعيا في هذا النوع من الصفات مثل صفات حجم الجسم، معدل النمو، محصول اللبن، محصول الصوف، خصائص الذبيحة وغيرها.

٢ – يتحكم في الصفات الكمية عادة عدد كبير من أزواج الجينات، ولذا أحيانا تسمى الصفات الكمية بالصفات ذات الجينات المتعددة Polygenic characters. وهذه الجينات تورث بما يتفق مع القوانين الوراثية المعروفة في وراثة الصفات الكمية.

٣– معظم الجينات التي تؤثر على الصفات الكمية من النوع التجمعي (المضيف) Additive أو التراكميCumulative. ومعظم الصفات الإنتاجية في حيوانات المزرعة يحكم وراثتها عدد كبير من أزواج الجينات وكل جين من الجينات له تأثير صغير ولكن التأثير الإجمالي للجينات يكون كبيرا.

٤ – يتأثر عمل الجينات كثيرا بجميع العوامل البيئية المحيطة بالفرد.

٥ – يمكن تحليل الاختلافات أو التباينات الكمية بين الأفراد إحصائيا ولكن الطرق الإحصائية تكون أكثر تعقيدا.

(١, ١٥) قوة التوريث Prepotency

يمكن تعريف قوة التوريث بأنها قدرة الحيوان ذكرا كان أم أنثى على توريث طبع صفاته لأبنائه. وتختلف قوة التوريث من حيوان لآخر ويتوقف ذلك على عدة عوامل نذكر منها :

١- درجة تماثل التركيب الوراثي للفرد: فالحيوان متماثل التركيب الوراثي ينتج نوعا واحدا من الجاميطات وبالتالي فإن أبناءه تأخذ عنه نفس الجينات. وعليه فإنه يمكن القول بأن «قوة التوريث للفرد تتناسب تناسبا طردياً مع نسبة جيناته المتماثلة».

٢- وجود السيادة: عندما يأخذ الأبناء الجينات السائدة من أحد الأبوين فإن أثر هذه الجينات يكون واضحا في الأبناء وبالتالي فإنه يمكن القول بأن «قوة التوريث للفرد بالنسبة للصفات السائدة تزداد بازدياد عدد الجينات السائدة التي يعطيها لأبنائه».

٣- الارتباط بين الجينات : يؤدي الارتباط بين الجينات في التركيب الوراثي لفرد ما إلى قلة تباين الأبناء في صفاتها عما يحدث في حالة عدم وجود هذا الارتباط وعليه فإنه يمكن القول بأن «وجود ارتباط بين جينات الفرد يزيد من قوة التوريث».

(١,١٦) توارث الصفات المرتبطة بالجنس
Inheritance of Sex-linked Characters

عند الكلام عن الصفات المرتبطة بالجنس تدرس الصفات المحمولة على كروموسوم الجنس X. ومن المعروف أن زوج الكروموسوم الجنسي الموجود بالخلية الجسمية هو المسئول عن صفات الجنس الأساسية بالحيوان أو الطائر بينما يكون الكروموسوم الجنسي الموجود بالخلية الجنسية مسئولا عن تحديد الجنس وظهور بعض الأمراض الوراثية. ومن ثم فإن الصفات المرتبطة بالجنس هي عبارة عن الصفات التي يحكم وراثتها جينات تحمل على الكروموسومات الجنسية.

ومن الضروري معرفة تأثير الجينات المرتبطة بالجنس Sex-linked genes في حالة أن تكون سائدة أو متنحية في مواقعها. فإذا كان الأليل سائدا فإن النسل يتأثر بهذا الأليل الموجود في الأب أي أن تأثيره يستمر في كل جيل، وإذا كان الأليل متنحيا فإن الجين يظهر تأثيره على فترات من الأجيال. مثال على ذلك مرض الكساح في الحيوان يسببه جين سائد مرتبط بالجنس Dominant sex-linked gene، ومرض عمى الألوان في الإنسان يسببه جين متنحي مرتبط بالجنس Recessive sex-linked gene. وكذلك فإن الارتباط بالجنس له استخدامات في مجال إنتاج الدواجن إذ يساعد على فصل الجنسين في عمر يوم كما سيوضح

في الأمثلة اللاحقة. لذا يمكن تمييز الذكور عن الإناث عن طريق طراز الريش وليس عن طريق الفحص الداخلي للأعضاء التناسلية التي قد يصعب تمييزها عند هذا العمر. وفيما يلي بعض الأمثلة على الصفات المرتبطة بالجنس :

(١,١٦,١) تخطيط الريش في الدجاج

صفة تخطيط الريش في الدجاج يحكم وراثتها زوج واحد من الجينات الجنسية يرمز لهما بالرمز B، b وهما موجودان على الكروموسوم الجنسي ZW، فالجين B يسبب وجود الريش المخطط، بينما الجين b يسبب عدم وجود الريش المخطط. ومن ثم فإن الجدول رقم (٤ ,١) يبين التراكيب الوراثية للآباء المتزاوجة والتراكيب الوراثية ومظهر النسل الناتج عن هذا التزاوج للذكور والإناث.

الجدول رقم (٤ ,١). توارث تخطيط الريش في الدجاج كصفة مرتبطة بالجنس.

النسل Progeny		التزاوج Mating	
إناث	ذكور	إناث	X ذكور
ريش مخطط BW	ريش مخطط BB	BW	BB
ريش مخطط BW ريش غير مخطط bW	ريش مخطط Bb ،BB	BW	Bb
ريش غير مخطط bW	ريش مخطط Bb	BW	bb
ريش مخطط BW	ريش مخطط Bb	bW	BB
ريش مخطط BW ريش غير مخطط bW	ريش مخطط Bb ريش غير مخطط bb	bW	Bb
ريش غير مخطط bW	ريش غير مخطط bb	bW	bb

ومن الجدول رقم (٤ , ١) يتضح ما يلي :

التراكيب الوراثية للنتاج	bb	Bb	BB	bW	BW
الجنس	ذكر	ذكر	ذكر	أنثى	أنثى
مظهر الصفة	غير مخطط	مخطط	مخطط	غير مخططة	مخططة

فإذا تزاوج ديك رود أيلند أحمر ذا ريش غير مخطط بدجاجة بليموث روك ذات ريش مخطط، فإن ذكور النسل الناتج تكون ذات ريش مخطط أما الإناث فتكون ذات ريش غير مخطط. وإذا تركت أفراد الجيل الأول للتزاوج مع بعضها فإن أفراد الجيل الثاني تتمثل في أن نصف النسل ذا ريش مخطط والنصف الآخر ذا ريش غير مخطط الشكل رقم (٤, ١) أما إذا أجري التلقيح العكسي Reciprocal mating أي تزاوج ديك بليموث روك ذا ريش مخطط مع دجاجة رود أيلاند أحمر ذات ريش غير مخطط فإن ذكور وإناث النسل الناتج تكون جميعها ذات ريش مخطط، وهنا يكون الأب البليموث روك قد ورث الجين B المرتبط بالجنس إلى نسله ذكورا وإناثا. وإذا تركت أفراد الجيل الأول لتتزاوج مع بعضها فإن ذكور الجيل الثاني تكون جميعها ذات ريش مخطط، أما نصف إناث الجيل الثاني تكون ذات ريش مخطط والنصف الآخر ذات ريش غير مخطط. أي النسبة المظهرية بين أفراد الجيل الثاني (ذكور وإناث) تكون : ٣/٤ ذات ريش مخطط : ١/٤ ذات ريش غير مخطط. ويمكن توضيح هذا التزاوج في الشكل رقم (٤, ١). من ثم فإن الذكور كلها تكون مخططة والإناث نصفها مخطط والنصف الآخر غير مخطط.

(١,١٦,٢) طراز الريش الفضي المرتبط بالجنس Silver Plumage Pattern

وقد وجد أن صفة الريش الفضي هي صفة مرتبطة بالجنس وتعتمد على الجين السائد الجنسي S، أما أليله المتنحي s فمسئول على ظهور طراز الريش الذهبي. فعند تلقيح دجاجة ذات ريش فضي بديك ذا ريش ذهبي فتكون ذكور النسل الناتج ذات ريش فضي أما الإناث فتكون ذات ريش ذهبي الشكل رقم (٥, ١) وإذا تركت أفراد الجيل الأول لتتزاوج بعضها مع بعض فإن أفراد الجيل الثاني تكون نصف النسل ذات ريش فضي : نصف النسل ذات ريش ذهبي. أي أن الأم قد ورثت الجين المرتبط بالجنس S إلى أبنائها الذكور دون الإناث؛ لأنها الجنس غير متماثل الجاميطات.

(أ) الأباء: أنثى بليموث روك (ذات ريش مخطط) X ذكر رود ايلاند احمر (ذا ريش غير مخطط)

bb X BW

b B W

Bb bW

الجيل الأول: أنثى ذات ريش غير مخطط ذكر ذا ريش مخطط

يلاحظ هنا أن الأم البليموث قد ورثت الجين المرتبط بالجنس B إلى أبناءها الذكور دون الإناث لأنها الجنس غير متماثل الجاميطات.

الجيل الثاني:

الجاميطات المذكرة	الجاميطات المؤنثة	
	b	W
B	B ذكر مخطط الريش	BW أنثى مخططة الريش
b	bb ذكر غير مخطط الريش	bW أنثى غير مخططة الريش

(ب) **الآباء:** **دجاجة رود أيلاند الأحمر** **ديك بليموث روك**

(ذات ريش غير مخطط) (ذا ريش مخطط)

BB X bW

B b W

الجيل الأول:

Bb BW

أنثى ذات ريش مخطط ذكر ذا ريش مخطط

ويلاحظ هنا أن الأب البليموث روك قد ورث الجين المرتبط بالجنس **B** إلى أبناءه الذكور والإناث لأنه الجنس متماثل الجاميطات.

الجيل الثاني:

الجاميطات المذكرة	الجاميطات المؤنثة	
	B	W
B	BB ذكر مخطط الريش	BW أنثى مخططة الريش
b	Bb ذكر مخطط الريش	bW أنثى غير مخططة الريش

الشكل رقم (٤ , ١) توارث طراز الريش المخطط المرتبط بالجنس في الدجاج.

وعند إجراء التلقيح العكسي وذلك بتزاوج ديك ذا ريش فضي مع دجاجة ذات ريش ذهبي فإن ذكور وإناث النسل الناتج تكون جميعها ذات ريش فضي. وإذا تركت أفراد الجيل الأول لتتزاوج مع بعضها فإن ذكور الجيل الثاني تكون جميعها ذات ريش فضي ، أما إناث الجيل الثاني فإن نصفها تكون ذات ريش فضي والنصف الآخر تكون ذات ريش ذهبي. أي أن النسبة المظهرية بين أفراد النسل الناتج في الجيل الثاني تكون ٣/٤ ذات ريش فضي : ١/٤ ذات ريش ذهبي الشكل رقم (١,٥).

(١,١٦,٣) استخدام طراز الريش المخطط والفضي المرتبط بالجنس في التجنيس الذاتي

يمكن الاستفادة من صفة الريش المخطط المرتبط بالجنس في التجنيس الذاتي وذلك من خلال إجراء بعض التزاوجات والتي تعتمد على زوجين من الجينات وهي :

١- الجين السائد المرتبط بالجنس B الذي يظهر صفة الريش المخطط في حين الأليل المتنحي b يظهر صفة الريش غير المخطط.

٢- الجين السائد المرتبط بالجنس S الذي يظهر صفة الريش الفضي في حين أن الأليل المتنحي s يظهر صفة الريش الذهبي.

وعلى سبيل المثال فإن التزاوج بين ذكور دجاج الرود أيلاند الأحمر ذات الريش غير المخطط لتتزاوج مع إناث الدجاج البليموث روك المخطط يمكن من خلاله التجنيس الذاتي بحيث تخصص إناث النسل الناتج لتكوين قطيع البنات وذكور النسل تخصص لتكوين قطيع الذكور الشكل رقم (١,٦).

ولكن عند استعمال ذكور ذات طراز مخطط للريش لتتزاوج مع إناث ذات طراز للريش غير مخطط فإنه لا يمكن التجنيس الذاتي في هذه الحالة شكل رقم (١,٦).

(أ) الآباء: دجاجة ذات ريش فضي X ديك ذا ريش ذهبي

SW X ss

الجاميطات:

S W s

الجيل الأول:

sW Ss

أنثى ذات ريش ذهبي ذكر ذا ريش فضي

الجيل الثاني:

الجاميطات المؤنثة		الجاميطات المذكرة
W	s	
SW أنثى ذات ريش فضي	Ss ذكر ذات ريش فضي	S
sW أنثى ذات ريش ذهبي	ss. ذكر ذات ريش ذهبي	s

(ب) الآباء: دجاجة ذات ريش ذهبي ديك ذا ريش فضي

sW X SS

الجاميطات: W s S

الجيل الأول:

SW Ss

أنثى ذات ريش فضي ذكر ذا ريش فضي

يلاحظ هنا أن الأب ذات الريش الفضي قد ورث الجين المرتبط بالجنس **S** إلى أبنائه الذكور والإناث لأن الجنس متماثل الجاميطات.

الجيل الثاني:

الجاميطات المؤنثة		الجاميطات المذكرة
W	S	
SW أنثى ذات ريش فضي	SS ذكر ذات ريش فضي	S
sW أنثى ذات ريش ذهبي	Ss ذكر ذات ريش فضي	s

الشكل رقم (١,٥). توارث طراز الريش الفضي المرتبط بالجنس.

الآباء: أنثى بليموث روك ذات ريش مخطط فضية X ذكر رود أيلاند ذا ريش غير مخطط ذهبي

bbss X BWSW

الجاميطات:

bs BS WW

BbSs bWsW

ذكور إناث

النسل: الإناث ذات طراز ريش غير مخطط ذهبي
والذكور ذات طراز ريش مخطط فضي.

الآباء: أنثى ذات ريش غير مخطط ذهبية X ذكر ذات ريش مخطط فضي

BBSS X bWsW

الجاميطات:

BS bs WW

النسل:

BbSs BWSW

(الذكور والإناث ذات طراز ريش مخطط فضي وبالتالي لا يمكن تجنيسها ذاتيا)

الشكل رقم (٦, ١). استخدام طراز الريش المخطط والفضي المرتبط بالجنس في التجنيس الذاتي.

(٤ ,١,١٦) صفة سيولة الدم (مرض الهيموفيليا)

هذا المرض يصاب به الإنسان والخنازير ويحكم وراثته زوج واحد من الجينات المتنحية المرتبطة بالجنس هي H، h فالجين H لا يسبب وجود مرض الهيموفيليا والجين h يسبب ظهور المرض. ومن ثم فإن هذا المرض يعد من الصفات المتنحية المرتبطة بالجنس وهو مرض وراثي ينتقل من خلال الكروموسوم الجنسي بالخلايا الجنسية (الحيوان المنوي أو البويضة). والتراكيب الوراثية للذكور هي HY ، hY بينما تكون للإناث HH ، Hh، hh ومن ثم يتوقف ظهور المرض أو عدم ظهوره على التراكيب الوراثية للآباء المتزاوجة كما هو موضح في الجدول رقم (٥ , ١).

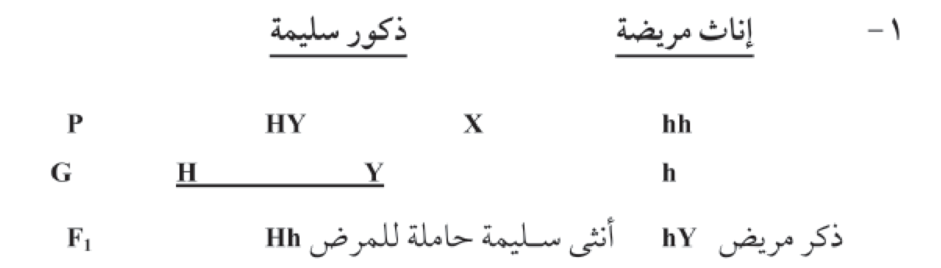
الجدول رقم (٥ ,١). توارث صفة سيولة الدم (مرض الهيموفيليا) كصفة مرتبطة بالجنس.

النسل Progeny		التزاوج Mating	
إناث	ذكور	إناث	ذكور
HH	HY	أنثى سليمة HH	ذكر سليم HY
HH , Hh	HY, hY	أنثى حاملة للمرض Hh	ذكر سليم HY
Hh	hY.	أنثى مريضة hh	ذكر سليم HY
Hh	HY	أنثى سليمة HH	ذكر مريض hY
Hh , hh	HY , hY	أنثى حاملة للمرض Hh	ذكر مريض hY
hh	hY	أنثى مريضة hh	ذكر مريض hY

الأفراد الذكور التي تحمل التركيب الوراثي HH ، HY تكون سليمة أما الأفراد الإناث ذات التركيب الوراثي Hh فهي سليمة ولكن تحمل المرض في حين أن الأفراد التي تحمل التراكيب الوراثية hY في الذكور، hh في الإناث تكون مريضة. مما تقدم نجد أن التراكيب الوراثية لمظهر هذه الصفة في النسل يكون كالآتي:

التركيب الوراثي	hY	HY	hh	Hh	HH
الجنس	ذكر	ذكر	أنثى	أنثى	أنثى
مظهر الصفة	مريض	سليم	مريضة	سليمة وحاملة للمرض	سليمة

هذا ويمكن توضيح بعض التزاوجات التي تفسر كيفية الحصول على نسل مصاب بمرض الهيموفيليا كما يلي :



٢- إناث حاملة للمرض ذكور سليمة

P HY X Hh

G H Y H h

F_1 HH Hh HY hY

ذكر مريض ذكر سليم أنثي حاملة للمرض أنثى سليمة

ويلاحظ من هذا التزاوج بأن الأنثى الحاملة للمرض أعطت الجين المرتبط بالجنس إلى كل من أبنائها الذكور والإناث.

٣- إناث سليمة ذكور مريضة

P hY X HH

G H Y H

F_1 Hh أنثي حاملة للمرض HY ذكر سليم

ويلاحظ من هذا التزاوج بأن الذكر المريض نقل الجين المرتبط بالجنس فقط إلى بناته.

(٥ ,١,١٦) صفة عمى الألوان في الإنسان

يحكم وراثة هذه الظاهرة زوج واحد من الجينات يرمز لها بالرموز C، c وهو موجود على الكروموسوم X. فالجين C يسبب الرؤية الطبيعية ويسود على الأليل المتنحي c الذي يسبب عمى الألوان ومن ثم فإن هذا المرض يعد من الصفات المتنحية المرتبطة بالجنس. وتوارث هذه الصفة يشبه تماما توارث صفة سيولة الدم كما هو موضح بالجدول رقم (٦ ,١).

الجدول رقم (٦ ,١). توارث صفة عمى الألوان كصفة مرتبطة بالجنس.

النسل Progeny		التزاوج Mating	
إناث	ذكور	إناث X	ذكور
CC	CY	سليمة CC	سليم CY
CC ,Cc	CY , cY	سليمة وتحمل المرض Cc	سليم CY
Cc	CY	مريضة cc	سليم CY
Cc	CY	سليمة CC	مريض cY
Cc, cc	CY, cY	سليمة وتحمل المرض Cc	مريض cY
cc	cY	مريضة cc	مريض cY

الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي CY، CC تكون سليمة أما الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي Cc فهي سليمة ولكن تحمل المرض، في حين أن الأفراد التي تحمل التراكيب الوراثية cY، cc تكون مريضة. ومما تقدم نجد أن التراكيب الوراثية والمظهر الخارجي لهذه الصفة في النسل تكون كالآتي:

التراكيب الوراثية للنتاج	cY	CY	cc	Cc	CC
الجنس	ذكر	ذكر	أنثى	أنثى	أنثى
مظهر الصفة	مريض بعمى الألوان	طبيعي	مريضة بعمى الألوان	طبيعية وتحمل المرض	طبيعية

هذا ويمكن توضيح بعض التزاوجات التي تفسر كيفية الحصول على نسل سليم أو مصاب بعمى الألوان كما يلي :

الآباء : **ذكر سليم CY** **X أنثي حاملة للمرض Cc**

الجاميطات : **C Y** **C c**

النسل F_1 : ذكر سليم CY ذكر مريض cY أنثي مريضة Cc أنثى سليمة CC.

(٦ ,١٦ ,١) ظاهرة نفوق بعض الأجنة الذكور في الماشية

لوحظت هذه الظاهرة في بعض الماشية إذ كانت أعداد الذكور أقل من الإناث وأن الفروق بينهم كانت معنوية وراجعة لتأثيرات معينة لها دلالة معينة. وبدراسة هذه الظاهرة اتضح أن هذا راجع إلى وجود جين مميت متنحي مرتبط بالجنس يسبب نفوق الحيوان الذي يحمله إذا وجد هذا الجين بحالة متماثلة في الإناث أو الذكور. وبما أن الإناث هي الجنس المتماثل التركيب الوراثي بينما الذكور هي الجنس غير متماثل الجاميطات، فإن احتمال وجود هذا الجين المميت في الإناث بحالة أصيلة يكون ضئيلا مقارنة بالذكور التي يؤدي وجود الجين فيها إلى نفوقها. وقد لوحظت هذه الظاهرة في بعض قطعان ماشية الفريزيان على الخصوص وبدراستها اتضح أن وجود هذا الجين المميت المتنحي يؤدي إلى نفوق الذكور وهي أجنه أو بعد ولادتها مباشرة.

التراكيب الوراثية للإناث إما أن تكون EE أو Ee وهذه التراكيب تعيش بينما التركيب ee يموت في حين التراكيب الوراثية للذكور EY تعيش والتركيب eY يموت. والتركيب الوراثي ee في الإناث وكذلك eY في الذكور لا يوجدان على الإطلاق وإن وجدا فإنهما يموتان مبكرا ولذلك يرمز دائما لهذا الجين e ويرمز لأليله الذي لا يسبب النفوق E. وبالتالي فإنه يمكن الحصول على أجنة نافقة عند حدوث تلقيحات معينة نوضحها بالجدول رقم (٧ ,١).

الجدول رقم (٧ , ١): توارث ظاهرة نفوق بعض الأجنة الذكور في الماشية كصفة مرتبطة بالجنس.

النسل Progeny		التزاوج Mating	
أنثى	ذكر	أنثى	ذكر
EE	EY	أنثى سليمة EE	ذكر سليم EY
EE, Ee	EY, eY	أنثى حاملة للمرض Ee	ذكر سليم EY

ومما تقدم يلاحظ أن التراكيب الوراثية ومظهر هذه الصفة على النسل يكون كالآتي :

التركيب الوراثي	EY	EE	Ee
الجنس	ذكر	أنثى	أنثى
مظهر الصفة	يعيش	تعيش	تعيش ولكنها تحمل الجين المميت

هذا ويمكن توضيح بعض التزاوجات التي تفسر حدوث النفوق في الأجنة كما يلي :

١- الآباء :

EE X EY

الجاميطات :

E **E Y**

الجيل الأول F_1 :

ذكر يعيش EY أنثى تعيش EE

٢- الآباء :

Ee X EY

الجاميطات :

E e **E Y**

الجيل الأول F_1

EE أنثى تعيش **Ee أنثى تعيش وتحمل الجين**

EY ذكر يعيش **eY ذكر يموت**

ومن الملاحظ هنا أن الإناث تورث الجين e المرتبط بالجنس لأبنائها الذكور بينما بناتها تكون حاملة للمرض.

(١, ١٧) توارث الصفات المتأثرة بالجنس
Inheritance of Sex-Influenced

الفرق بين الصفات المرتبطة بالجنس والمتأثرة بالجنس أنه في الوراثة المتأثرة بالجنس تكون الجينات محمولة على كروموسومات الخلايا الجسمية Somatic cells وتعبيرهما يتأثر بجنس الفرد. وفي حالة الأفراد الخليطة Heterozygotes فإن الجينات تشير في تكوينها حالة السيادة في الذكر وحالة التنحي في الأنثى. ومن أمثلة الصفات المتأثرة بالجنس ما يلي :

(١, ١٧, ١) لون الجلد في ماشية الإيرشاير Ayrshire

يحكم وراثة هذه الظاهرة زوج واحد من الجينات يرمز له بالرمز **M**، **m**. الجين M يسبب وجود اللون الأبيض المبقع بالطوبي والأليل **m** يعطي اللون الأبيض المبقع بالأحمر. وتبعا لما سبق فإنه ينتج ثلاثة تراكيب وراثية كما هو موضح بالجدول رقم (١, ٨). ومن هذا الجدول يتضح أن المظهر الخارجي للذكور يختلف عن المظهر الخارجي للإناث نتيجة اختلاف الجنس ويكون هذا التأثير ناشئا عن هرمونات الجنس الموجودة في الحيوان. وفي هذا الجدول رقم (١, ٨) يلاحظ أن هذه الصفة أكثر تأثرا بجنس الأنثى كحالة سيادة عن الذكر ومن ثم فإن نسبة الإناث المبقعة بالطوبي تكون أكبر من نسبة الذكور المبقعة بالطوبي.

الجدول رقم (١, ٨). توارث لون الجلد في الماشية كصفة متأثرة بالجنس.

التركيب الوراثي Genotype	المظهر الخارجي Phenotype	
	ذكور Males	إناث Females
MM	أبيض مبقع بالطوبي	أبيض مبقع بالطوبي
Mm	أبيض مبقع بالأحمر	أبيض مبقع بالطوبي
mm	أبيض مبقع بالأحمر	أبيض مبقع بالأحمر

(١,١٧,٢) صفة وجود القرون في الأغنام والماشية

يلاحظ أن هذه الصفة يحكم وراثتها زوج من الجينات ويرمز لها بالرمزP، p فالجين P يسبب وجود القرون والجين p يسبب عدم وجود القرون وتبعا لذلك فإنه ينتج ثلاثة تراكيب وراثية كما هو موضح بالجدول رقم (١ , ٩).

الجدول رقم (١, ٩). توارث صفة وجود القرون في الأغنام والماشية كصفة متأثرة بالجنس.

التركيب الوراثي Genotype	المظهر الخارجي Phenotype	
	ذكور Males	إناث Females
PP	له قرون	لها قرون
Pp	له قرون	عديمة القرون
pp	عديم قرون	عديمة القرون

ومن الجدول (١ , ٩) يتضح أن صفة وجود القرون تتأثر بدرجة كبيرة بجنس الذكر عن الأنثى كحالة سيادة ومن ثم فإن نسبة الذكور التي لها قرون تكون أكبر من نسبة الإناث التي لها قرون والعكس صحيح. فعند تزاوج ذكور لها قرون (**PP**) بإناث عديمة القرون (**pp**) نحصل على الآتي :

الآباء : ذكور لها قرون (**PP**) **X** إناث (pp)

النسل : (**Pp**) الذكور لها قرون والإناث عديمة القرون

(١ , ١٧ , ٣) صفة الصلع في الإنسان

وهي صفة أيضا مشابهة لصفة وجود القرون في الماشية والأغنام. يلاحظ أن هذه الصفة يحكم وراثتها زوج من الجينات ويرمز لها بالرمز **H**، **h** فالجين **H** يسبب وجود الشعر والجين **h** يسبب عدم وجود الشعر (الصلع) وتبعا لذلك فإنه ينتج ثلاثة تراكيب وراثية هي :

التركيب الوراثي Genotype	المظهر الخارجي Phenotype	
	ذكور Males	إناث Females
HH	له شعر	لها شعر
Hh	أصلع	لها شعر
hh	أصلع	صلعاء

ومن هذا الجدول يتضح لنا أن صفة وجود الشعر تتأثر بدرجة كبيرة بجنس الذكر عن الأنثى (حالة سيادة في الذكر) ومن ثم فإن نسبة الذكور الصلع تكون أكبر من نسبة الإناث الصلعاء والعكس صحيح. فعند تزاوج إناث لها شعر (**HH**) بذكور صلعاء (**hh**) نحصل على الآتي :

الآباء : ذكور صلعاء (hh) X إناث لها شعر (HH)

النسل : (Hh) الذكور صلعاء والإناث لها شعر

(١٨, ١) توارث الصفات المحددة بالجنس
Inheritance of Sex -limited Characters

هي عبارة عن صفات يحكم وراثتها جينات تحمل على الكروموسومات الجسمية وبعضها يحمل على الكروموسومات الجنسية. وهنا تكون الكروموسومات الجسمية مسئولة عن الصفات الإنتاجية للحيوان بينما يكون الكروموسوم الجنسي بالخلية مسئولا عن صفات الجنس الأساسية بالحيوان أو الطائر. ولكن ما يهمنا في الإنتاج الحيواني هي تلك التي تحمل على الكروموسومات الجسمية وهذا يعني أن الجينات التي تحكم وراثة هذه الصفات توجد في كلا الجنسين ولكن نجد أن مظهر الصفة لا يظهر إلا في جنس واحد. ومن أمثلة الصفات المحددة بالجنس ما يلي :

١- صفة إنتاج السائل المنوي : فالأنثى تحمل هذه الجينات لإنتاج السائل المنوي وأيضا الذكر يحملها ولكن الذكر هو الجنس القادر على إنتاج السائل المنوي.

٢- صفة إنتاج اللبن : حيث نجد أن الطلائق تحمل الجينات المسئولة عن إنتاج اللبن ولكن لا يمكن قياس محصول اللبن لها ومن ثم فإن هذه الصفة يمكن قياسها فقط على جنس واحد هو الأنثى. ولذلك صفة إنتاج اللبن في الماشية صفة محددة بالجنس؛ لأنها تنتج في الأبقار فقط.

٣- إنتاج البيض في الدجاج : كذلك فإن الديوك تحمل الجينات المسئولة عن إنتاج البيض.

الفصل الثاني

بعض التقنيات الحيوية والوراثية المستخدمة في تربية وتحسين الحيوان

(١ , ٢) تاريخ وتطور التقنيات الحيوية والوراثية المستخدمة كأداة في تربية وتحسين الحيوان

الجدول رقم (١ , ٢) يلخص التطور الذي حدث في علم الوراثة والتقنيات الحيوية والوراثية وكذلك التطور في الطرق الإحصائية المستخدمة في تقدير المقاييس الوراثية للصفات الكمية بالعشيرة والتي كان لها الأثر في التحسين الوراثي للصفات بالحيوانات الزراعية.

الجدول رقم (١ ,٢). تاريخ وتطور التقنيات الحيوية والوراثية المستخدمة كأداة في التحسين الوراثي للحيوانات الزراعية وكذلك التطور في الطرق الإحصائية المستخدمة في تقدير المقاييس الوراثية للصفات الكمية بالعشيرة وتقييم الحيوان.

العام	تاريخ ومضمون التطور
١٨٩٠م	• اكتشاف الكروموسومات.
١٩٠٠م	• انقسام الخلية الميتوزي والميوزي.

تابع الجدول رقم (١, ٢).

العام	تاريخ ومضمون التطور
١٩٠٠م ١٩١٠م	• وضع قوانين مندل. • وضع قوانين الاتزان بالعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية من قبل Hardy-Weinberg. • توصيف بسيط للعشيرة وراثيا التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.
١٩١٠م ١٩٢٠م	• تحقق مرجان (Morgan, 1910) من أن الجينات توجد في ترتيب طولي على الكروموسومات وأن هذه الجينات يمكن أن ترتبط ببعضها Genetic Linkage. • قام Haldane (Haldane, 1919) بتقدير المسافات بين المواقع الجينية المرتبطة ببعضها. • تحديد المواقع الجينية لمجاميع الدم ABO blood group.
١٩٢٠م ١٩٣٠م	• بداية استخدام الوراثة الكمية في تربية الحيوان. • تفسير التباين في الصفات الكمية بواسطة Fisher (Fisher, 1930) والذي أرجعه إلى الجينات والبيئة.
١٩٣٠م ١٩٥٠م	• تقدير المكافئ الوراثي للصفات الكمية بواسطة Lush (Lush, 1935) • بداية تطبيق الانتخاب الفردي والعائلي. • وضع أسس ثلاثة طرق من الانتخاب لأكثر من صفة هي الانتخاب المتسلسل Tandem selection، الاستبعاد بالمستويات المستقلة Independent culling levels، دليل الانتخاب Selection Index (Hazel and Lush, 1942). • وضع نظرية دليل الانتخاب من قبل Hazel واشتقاق بعض أدلة الانتخاب لأكثر من صفة (Hazel, 1943). • استخدام طريقة التفريد الكهربائي أو الرحلان Electrophoresis لفصل البروتين في محاليل وبداية عمل الحزم الوراثية Genetic Bands (Pauling et al, 1949).

تابع الجدول رقم (١ ,٢).

العام	تاريخ ومضمون التطور
١٩٥٠م ١٩٦٠م	• دخول الحاسبات الآلية لحساب بعض المعادلات الحسابية وتطبيق بعض النظريات في تربية وتحسين الحيوان. • استخدام النماذج الإحصائية المختلطة Mixed models بواسطة هندرسون في تقدير مكونات التباين (Henderson, 1953). • التعمق في تقدير المقاييس الوراثية للصفات الكمية بالعشيرة (المكافئ الوراثي، المعامل التكراري، الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي). • استحداث بعض الطرق الجديدة في تقييم سجلات الحيوان وتصميم برامج التربية والانتخاب (Henderson et al, 1959 ; Roberston and Rendel, 1954). • استحداث طريقة التفريد الكهربائي للترانسفيرين Transferrin Electrophoresis من قبل Smithies (Smithies, 1959) للكشف عن الواسمات الوراثية.
١٩٦٠م ١٩٧٠م	• بداية الكشف عن المواقع الجينية للصفات الكمية. • استخدام مجاميع الدم للكشف عن الصفات الإنتاجية في الماشية (-Neimann Sprensen and Robertson, 1961). • بداية استخدام الوراثة الجزيئية لدراسة عدم التماثل الوراثي في العشائر (Lewontin and Hubby, 1966). • استخدام الواسمات الإنزيمية (البروتينية) Isosymes في عمل الروابط الوراثية Genetic bands عند إجراء التفريد الكهربائي Electrophoresis.

تابع الجدول رقم (١, ٢).

العام	تاريخ ومضمون التطور
١٩٧٠م ١٩٨٠م	• استحداث طريقة معظمة الاحتمال بواسطة Thompson, في تقدير مكونات التباين. • الكشف عن وتقدير الارتباط بين المواقع الجينية للصفات الكمية المعروفة بالرمز QTL (Jayakar, 1970). • تحديث نظرية دليل الانتخاب من قبل Hazel عام ١٩٧٧ (Vandepitte and Hazel, 1977). • وضع الأسس الرياضية الحديثة لأدلة الانتخاب مع وضع برنامج فورتران Fortran Program لاشتقاق هذه الأدلة باستخدام الكمبيوتر (Cunningham and Mahon,1977). • بداية استخدام النماذج الوراثية للحيوان Animal models في تقدير المقاييس الوراثية للصفات الكمية بالعشيرة وكذلك في التقييم الوراثي للحيوانات الزراعية. • الحصول على بعض الحيوانات الزراعية المحورة وراثيا Genetically-modified animals. • عمل الخرائط الكروموسومية لجينات الصفات الكمية QTL mapping في العشائر (Soller and Genizi, 1978).
١٩٨٠م ١٩٩٠م	• تحديث الأساليب الإحصائية في تقدير المقاييس الوراثية للصفات بالعشيرة وكذلك في التقييم الوراثي للحيوانات الزراعية. • التركيز على دراسة الوراثة الجزيئية وتطبيقاتها في الحيوانات الزراعية. • الكشف لأول مرة عن المواقع الجينية للصفات الكمية QTL في الإنسان باستخدام تقنية RFLP (شظايا التحديد متعددة الأشكال والأطوال Restriction Fragment Length Polymorphism) لعمل خرائط للتركيب الوراثي وللحمض النووي (Botstein et al, 1980: Jeffreys et al, 1985). • تحديد المواقع الجينية للصفات الكمية وعمل الخرائط الكروموسومية في الحيوانات الزراعية باستخدام تقنية التتابعات النيوكليوتيدية الصغرى أو الميكروساتلايت Microsatelitte. • الحصول على أول أغنام وخنازير محورة وراثية بإدخال DNA كحمض نووي غريب في التركيب الوراثي لهذه الحيوانات (Hammer et al, 1985).

تابع الجدول رقم (١ ,٢).

العام	تاريخ ومضمون التطور
١٩٩٠م حتى الآن	• بداية الانتخاب في الحيوانات الزراعية بمساعدة الواسمات الوراثية Marker-assisted selection (MAS). • تم الاستنساخ الوراثي (الاستنساخ الجيني) للنعجة دولي باسكتلندا (Campell et al, 1996). • بداية استخدام برامج الكمبيوتر مثل Findgene والتي صدرت خلال العقد الأخير من القرن العشرين (Kinghorn et al, 1993; Mott, 2000; Mott and Flint, 2002) لاكتشاف وتحديد مواقع الصفات الكمية المجهولة QTLs المؤثرة على الصفات الاقتصادية لأعداد ضخمة من الحيوانات. • شيوع استخدام الطريقة الإحصائية المعروفة تحت مسمى Bayesian approach في تحليل الصفات وتقدير المقاييس الوراثية لصفات QTL.

(٢ ,٢) استخدام الواسمات الوراثية في تربية وتحسين الحيوانات الزراعية

(١ ,٢ ,٢) مفهوم وأهمية الواسمات الوراثية Genetic markers

طبقا لما أشار إليه عبد التواب ١٩٩٣م في كتابه وكذلك Weller في كتابه حديثا (Weller, 2001) فإن الواسمة Genetic marker هي جين (Cistron) Gene يتوارث بطريقة بسيطة ويمكن أن يقوم بدور كاشف Marker لجينات أو مواقع جينية أخرى تتحكم في المواقع الجينية للصفات الكمية Quantitative Traits Loci (QTL). ولهذا لا تتوزع هذه الجينات مستقلة ولذا يمكن التعرف على وجود جينات الصفات الكمية إذا تم التعرف على موقع الواسمة Marker. ويمكن استنتاج موقع الجينات للصفة الكمية QTL في الفرد من خلال معرفة الأليل الواسمة Marker allele ذات التأثير المعروف والمرتبط بهذا الموقع ويتوقف هذا على المسافة بينها. ويتم هذا من خلال الخلط أو التهجين بين الخطوط Lines أو السلالات Breeds والواسمات الوراثية غير المباشرة هي جين أو جينات مرتبطة وراثيا بالصفات الكمية. والواسمات هذه ليست بالضرورة أن تكون

جينات ذات وظيفة ولكن يمكن أن تكون على سبيل المثال سلسلة من النيوكليوتيدات يمكن تتبعها في التكوين الوراثي للحيوان Genome. وقد اكتشف تكرر بعض التتابعات النيوكليوتيدية في التركيب الوراثي دون أن يكون لها وظيفة معينة معلومة. ويطلق عليها لفظ التتابعات الصغرى أو الميكروستليت Microsatelitte والتي ساعدت كثيرا في تحديد مواقع الجينات وعمل الخرائط الكروموسومية.

ومن المعروف أن الواسمات الوراثية تأثيراتها غير مباشرة وغير ضارة على أداء الحيوان. وقد تستخدم الواسمات الوراثية Genetic markers في إدخال أو الكشف عن صفة كمية ما ذات أهمية اقتصادية داخل العشيرة (Weller, 2001). وقد تبين أن كفاءة إدخال أو الكشف عن الجينات باستخدام الواسمات الوراثية تعتمد على تكرار الجين الجديد في العشيرة النهائية بالإضافة إلى العائد الوراثي للصفة (Visscher et al, 1995).

(٢, ٢, ٢) أنواع الواسمات الوراثية

يمكن استخدام أنتجينات مجاميع الدم Blood group antigens كواسمات وراثية دقيقة تعبر عن أنماط وراثية تخضع للقوانين البسيطة (Weller, 2001). وتعتبر الواسمات الأنزيمية كواسمات وراثية إذ أن لكل إنزيم حزمة محددة Definite band عند إجراء التفريد الكهربائي Electrophoresis. ويعيب على واسمات مجاميع الدم والواسمات الإنزيمية (البروتينية) أنها لا تغطي كل الجينوم؛ نظرا لأن الأشكال المتعددة لها Polymorphism غير كافية لتحديد ذلك، كما أن تأثير الواسمة على الأداء الظاهري للفرد غير واضح وليس من السهل التوقع لصفات كمية أخرى من خلال هذه الواسمة. وفيما يلي بعض أنواع الواسمات الجينية Gene markers والتي يطلق عليها أيضا واسمات الحمض النووي DNA markers :

١- تقنية شظايا التحديد متعددة الأشكال والأطوال Restriction fragment length polymorphism والتي يرمز لها بالرمز **RFLP** ويطلق عليها أسم الرفليبات: وهي شظايا أو قطع من الحمض النووي DNA مختلفة الأطوال ناتجة عن فعل إنزيم القطع المحدد Restriction enzyme ويمكن استخدام هذه الشظايا للرفليبات **RFLPs**

في عمل خرائط للتركيب الوراثي وللحمض النووي DNA (Beattie, 1994). وقد وجد أن الرفليبات **RFLPs** تورث بطريقة عادية، نظرا لأنها تعتد طفرة جينية. ويمكن تتبع الرفليبات بتحليل الحمض النووي DNA في الأجيال المتتابعة. وقد قام جيفري وآخرين (Jeffreys et al, 1985) بتطبيق هذه التقنية للتعرف على البصمة الوراثية Genetic Fingerprint في الانسان. ولكن من أهم العوائق المحددة لهذه التقنية أن شظايا أو قطع الحمض النووي DNA معقدة وليس من السهل إنتاجها وتحتاج إلى كمية كبيرة وعالية الجودة من الحمض النووي DNA.

٢- تقنية المكررات المتسلسلة المتباينة العدد Variable Numbers of Tandem Repeats : ويرمز لها بالرمز **VNTRS** ويطلق عليها اسم الفنترات. والفنترات هذه يمكن من خلالها التمييز بين الأفراد لكثرة التباين في عدد المكررات بينها ومن ثم تستخدم الفنترات في تحديد البصمة الوراثية. وتنقسم الفنترات إلى:

أ) تقنية التتابعات النيوكليوتيدية الصغرى أو الميكروستليت Microsatellites : وأحيانا تسمى المكررات المتسلسلة القصيرة Short Tandem Repeats (**STR**) أو طريقة المكررات المتسلسلة البسيطة Simple Tandem Repeats (STR) وتتضمن طريقة الميكروستليت هذه عددا من المكررات لها تتابع قصير من قواعد الحمض النووي DNA (٢-٥ أزواج من القواعد) ويمكن استخدامها كواسمة لموقع ما في خريطة الجينوم.

ب) تقنية التتابعات المتعددة أو المينيستليت Minisatellites : وهي رفليبات RFLPs متباينة في أطوالها بين الأفراد (٩-٨٠ زوجا من القواعد) تبعا لعدد المكررات التي تحملها كل رفليبة.

٣- تقنية الأشكال المتعددة للنكليوتيدات الفرديةSingle Nucleotide Polymorphism (**SNPs**) : وتمثل اختلافا وراثيا لنيكلوتيدة مفردة (فردية) تحتوي على أليلين فقط.

(٣, ٢, ٢) التقنيات المستخدمة في الكشف عن الواسمات الوراثية:

ورد عن Beattie (Beattie 1994) كيفية الكشف عن الواسمات الوراثية في الحيوانات الزراعية. وفيما يلي بعض التقنيات المستخدمة في الكشف عن الواسمات الوراثية (واسمات الحمض النووي DNA marker) :

١- طريقة التفريد الكهربائي Electrophoresis لفصل البروتين في محاليل.

٢- طريقة التفريد الكهربائي للترانسفيرين Transferrin electrophoresis واستحدثها Smithies (Smithies, 1959) وقام باستخدامها فرغلي وآخرين (Farghaly et al, 2000) في الأبقار بالمنطقة العربية.

٣- تقنية تحليل الحمض النووي DNA أو طريقة البصمة أو التعليم Marking وتسمى طريقة ساوثرن. وفيها يتم نقل شرائح DNA التي سبق فصلها من خلال التفريد الكهربائي Electrophoresis على الـ Gel إلى غشاء نيلون أو نيتروسليلوز للحصول على طبعة أو بصمة (Southern, 1975).

٤- تقنية تحليل البروتينات وتسمى البصمة الوسترنية للبروتينات إذ يمكن فصل مخاليط البروتين بالتفريد الكهربائي على الـ Gel وتنقل إلى غشاء النيتروسليلوز (Burnete, 1981).

٥- تقنية نسخ عدد كبير من تتابعات معينة من الحمض النووي DNA Sequencing دون الحاجة لاستنساخها Cloning تسمي طريقة تفاعل البلمرة المتسلسل Polymerase Chain Reaction (PCR). وهي طريقة لإنتاج عدد كبير جدا من تتابعات معينة لقواعد الحمض النووي DNA Sequences، ثم لصقه مع ناقل وإدخاله في خلية بكتيرية واستزراعها والإكثار منها. وتعد هذه التقنية حاليا من أسس الوراثة الجزيئية (Mullis et al, 1986)، إلا أن تقنية PCR بمفردها غير كافية للتعرف على الاختلاف في تتابع الحمض DNA بين الأفراد. وبتطبيق تقنية PCR يمكن تحديد تتابعات الحمض DNA ومن ثم التعرف وراثيا على الأفراد أو ما يطلق عليه طريقة التعرف على الـ DNA.

٦- استخدام برامج للكمبيوتر والتي تسمى Findgene الذي صدرت خلال السنوات العشر الأخيرة (Kinghorn et al, 1993; Mott, 2000; Mott and Flint, 2002) لاكتشاف وتحديد مواقع الصفات الكمية المجهولة QTLs المؤثرة في الصفات الاقتصادية لأعداد ضخمة من الحيوانات. وتعتمد فكرة البرامج على حساب الاحتمالات الوراثية Genotypic probabilities مع تطبيق النموذج الوراثي للحيوان Animal model الذي سيتم شرحه لاحقا في فصل مستقل.

(٤ ,٢ ,٢) خريطة الجينات Gene Mapping وتحليل الجينوم Genome Analysis

تم استخدام طريقة الرفليبات (شظايا التحديد متعددة الأشكال والأطوال) لوضع الخريطة الوراثية ولتحديد المواقع الجينية للصفات الكمية QTL في الحيوانات الزراعية (Beattie, 1994). وفيما يلي بعض النتائج التي تم الحصول عليها خلال العشر سنوات الأخيرة في الحيوانات الزراعية المختلفة :

(١ ,٤ ,٢ ,٢) خريطة الجينات في ماشية اللحم

- أشار Beever وآخرين (Beever et al 1990) ولأول مرة في عام ١٩٩٠م إلى وجود علاقات غير مباشرة بين الواسمات الوراثية ومعدلات النمو وصفات الذبيحة في ماشية الأنجس.
- لاحظ Georges وآخرين(Georges et al, 1998) ولأول مرة في عام ١٩٩٨م وجود موقع جيني يسمى Myostatin يسبب زيادة العضلات أو ازدواج العضلات Muscular hypertrophy في كثير من ماشية اللحم الأوربية وقد تم التأكد من أن الـ QTL المؤثرة في صفات اللحم قريبة من جين Myostatin الموجود على الكروموسوم رقم ٢.
- تم إكتشاف الواسمة الوراثية لصفة اللحم المرمري Marbling meat تحت اسم Thyroglobulin.

(٢, ٤, ٢, ٢) خريطة الجينات في ماشية اللبن

• تم تحديد الواسمة الوراثية لصفة الاستعداد للإصابة بالتهاب الضرع في ماشية اللبن والتي توجد على الكروموسوم رقم ٦.

• تم اكتشاف عشر واسمات وراثية باستخدام طريقة الميكروستليت لصفة معدل التبويض في الأبقار والتي وجدت على الكروموسوم رقم ١٩ وتمثل من ٧-٨٣٪ من تباين معدل التبويض.

• تم اكتشاف الواسمات الوراثية لزيادة دهن اللبن في الأبقار باستخدام طريقة الميكروستليت والتي وجدت على الكروموسوم رقم ١٤ وسميت بالجين DGAT1 وهو المسؤول عن ٩٨٪ من تباين دهن اللبن.

• حديثا قام Tassell وآخرين (Tassell et al, 2000) بوضع خريطة وراثية لموقع الجينات (QTL) المؤثرة على مكونات اللبن في الأبقار (خصوصا كمية الدهن) باستخدام طريقة الميكروستليت والتي وجدت على الكروموسوم رقم ١٤.

(٣, ٤, ٢, ٢) خريطة الجينات في الأغنام

• تم في استراليا حديثا تحديد موقع الجين الذي يزيد من عضلات الظهر Muscling gene في أغنام الدورست Dorset والذي وجد على الكروموسوم رقم ١٨.

• أكدت الدراسات النيوزيلندية حديثا بأغنام التكسل (Texel Broad et al, 2000) وكذلك الدراسات الأوربية على أغنام اللحم (Marshall et al, 2002) أن جين Myostatin مرتبط بزيادة العضلات، وهذا ما تم ملاحظته أيضا في ماشية اللحم والمشار إليها سابقا. وأكثر تأكيدا فإن دراسات Walling وآخرين في أوروبا (Walling et al, 2001) أشارت إلى أن QTL المؤثر على العضلات وعمق الدهن في أغنام التكسل توجد على الكروموسومين ٢، ١٨.

• تم وضع خريطة QTL لصفة إنتاج اللبن في الأغنام وباستخدام طريقة الميكروستليت تم تحديد ١١ واسمة وراثية وجدت على الكروموسوم رقم ٦ مرتبطة بهذه الصفة.

(٢, ٢, ٤, ٤) خريطة الجينات في الأرانب

في عام ١٩٩٦م تم وضع أول برنامج أوروبي لوصف وتقييم المصادر الوراثية للأرانب الأوربية المستأنسة والبرية باستخدام الواسمات الوراثية. وضم هذا البرنامج كل من فرنسا وأسبانيا وإنجلترا والنمسا وهولندا والبرتغال والمجر بالاشتراك مع الاتحاد الأوروبي للإنتاج الحيواني EAAP ومنظمة الأغذية والزراعة بالأمم المتحدة **FAO**. ويمكن الرجوع إلى Bolet وآخرين (Bolet et al 1999&2000)، لمعرفة أهداف وتصميم البرنامج. وخلال عام ٢٠٠٠م تم أول تقييم لعدد ١١ سلالة برية ومستأنسة باستخدام واسمات وراثية متعددة الأشكال للحمض النووي (DNA Markers and Protein Polymorphism). وقد أشارت التحليلات الأولية لهذا البرنامج الكبير إلى وجود اختلافات كبيرة بين السلالات وبين الأفراد داخل السلالة الواحدة وكانت الاختلافات الوراثية والتنوع الأليلي Allelic diversity أقل في السلالات المستأنسة عن الأرانب البرية. وكذلك أشارت النتائج إلى تنوع كبير فيما يتعلق بصفات النمو والذبيحة وخصائص اللحم. وهذا التنوع الوراثي يمكن الاستفادة منه اقتصاديا في تحسين الأرانب. وقد اعتمد هذا البرنامج الأوروبي لتوضيح الاختلافات الوراثية بين السلالات على النموذج الوصفي Descriptive model الذي وضعه خليل (Khalil, 1997a) والذي تم فيه توصيف السلالات مظهريا ووراثيا وتم نشره من خلال المركز الدولي للدراسات الزراعية المتقدمة بالبحر المتوسط (والمعروف باسم **CIHEAM**) وكذلك من خلال المقالة التي تم نشرها بواسطة خليل أيضا (Khalil, 1999) بمجلة معلومات الأصول الوراثية بمنظمة الأغذية والزراعة بالأمم المتحدة FAO.

(٥, ٤, ٢, ٢) خريطة الجينات في الخنازير

تبين حديثا أن خريطة الجينات بالخنازير تشمل ١١٠٠ موقع وهذه المواقع تتضمن واسمات مجهولة (Rohrer and Keele, 1998b). وفيما يلي بعض المواقع الجينية التي تم تحديدها لبعض الصفات الإنتاجية في الخنازير :

- قام Archibald وآخرين (Archibald et al, 1994) باستخدام الإنزيمات Isozymes ومجاميع الدم في وضع خريطة لعدد من الواسمات الوراثية باستخدام DNA Markers.
- قام Rothschild وآخرين (Rothschild et al, 1995) بمسح للجينوم لتحديد موقع واسمات صفتي سرعة النمو ودهن الظهر التي تقع QTL على الكروموسوم رقم ٧. وقد أكدت كثير من الأبحاث هذا الاتجاه (Bidanel et al, 1996; Chevalet et al, 1996; Moser et al, 1998; Rohrer and Keele, 1998a ; Walling et al, 1998).
- حدد Yu وآخرين (Yu et al, 1995) جين مرتبطة بصفتي دهن الظهر والوزن عند الولادة وهذا الجين موجود في مركز الكروموسوم رقم ١٣ ويسمى PIT1.
- حدد Rothschild وآخرين (Rothschild et al, 1995) موقع جين مستقبل هرمون الاستروجين موجود على الكروموسوم رقم ١ ويسمى ESR وهو مرتبط بزيادة عدد الخلفة في البطن.
- حدد Vincent وآخرين(Vincent et al, 1998) موقع جين مستقبل هرمون البرولاكتين وهو مرتبط بزيادة عدد الخلفة في البطن.

(٣, ٢) استخدامات التقنيات الحيوية والهندسة الوراثية كأداة في تربية وتحسين الحيوان

جدير بالذكر أن هناك بعض الكتب المترجمة أو المؤلفة تناولت بعض الأسس الوراثية للتقنيات الحيوية المستخدمة في الإنسان أو النبات أو الحيوان نخص منها كتاب من تأليف الدكتور أحمد مستجير عام ١٩٩٨م بعنوان «البيوتكنولوجيا في الطب والزراعة».

(٢, ٣, ١) أمثلة عن تطبيقات التقنيات الحيوية في الحيوان

استفاد علماء تربية الحيوان من تطبيقات الهندسة الوراثية والتقنيات الحيوية الجديدة المستعملة في هذا الميدان مثل :

١- نقل الأجنة.

٢- استخدام الأنثى كحاضنة.

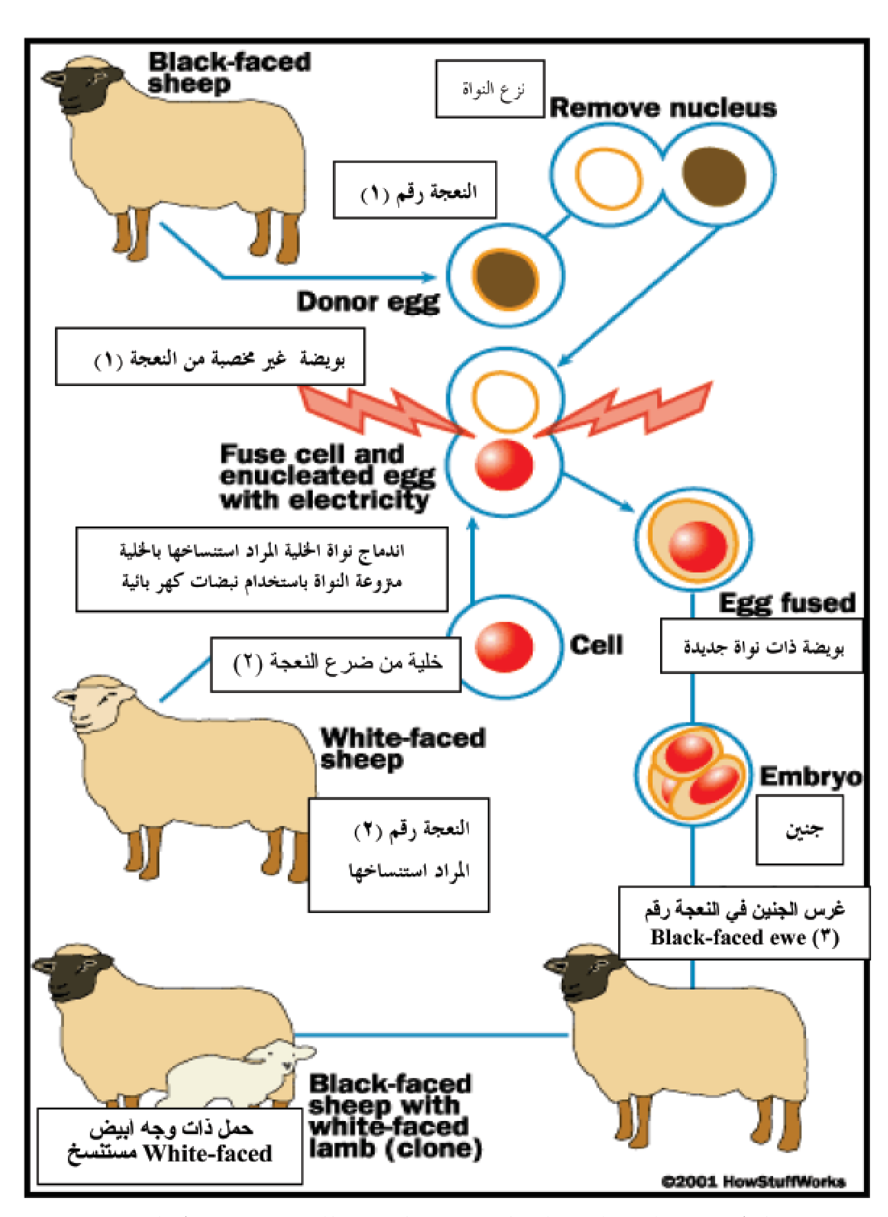
٣- تحسين صفة التوائم في الأغنام.

٤- استخدام الحيوانات في إنتاج بروتينيات ذات قيمة علاجية عالية بالنسبة للإنسان بعد إدخال جينات آدمية إليها وهذا ما يعرف عنه بالنقل الجيني Gene transfer.

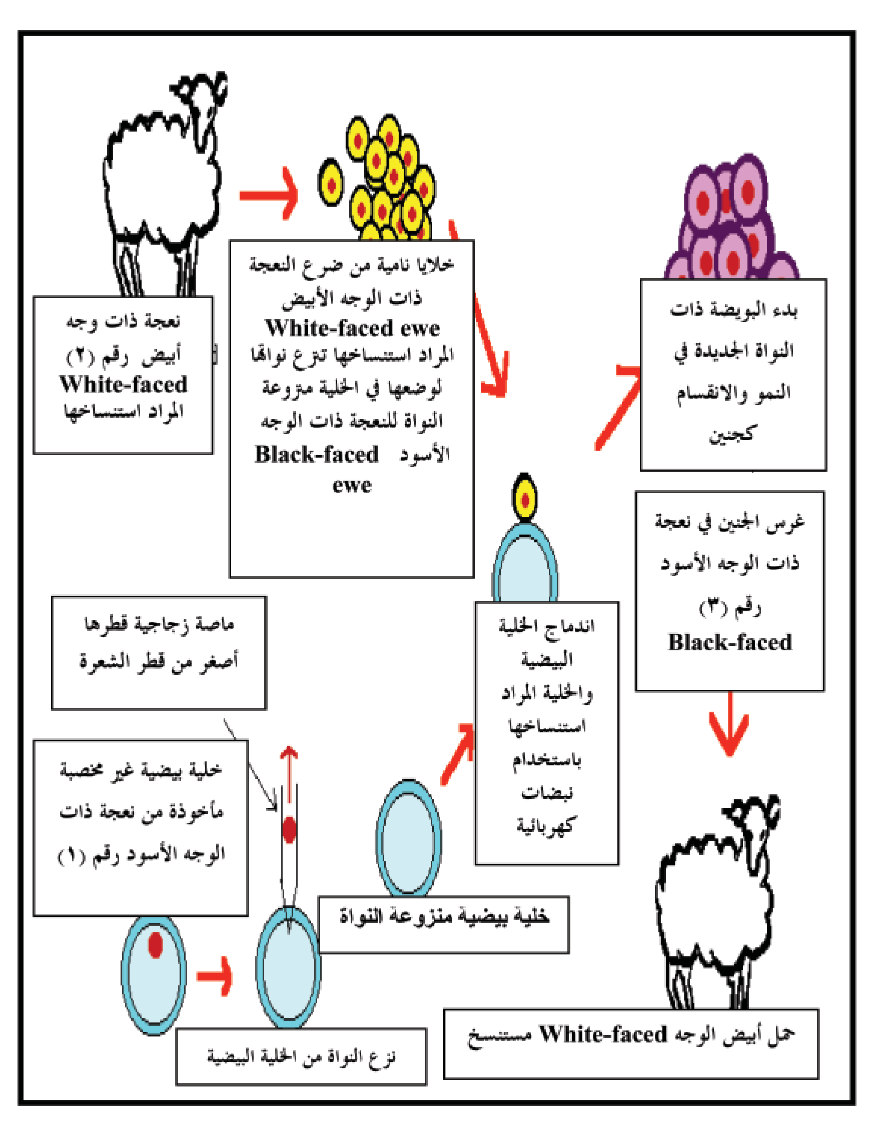
٥- الاستنساخ الوراثي أو الاستنساخ الجينى Gene cloning وهو عملية الحصول على نسخ مطابقة للتركيب الوراثي الأصلي دون اللجوء إلى تلقيح خلية تناسلية ذكريه مع البويضة من الأنثى.

(٢, ٣, ٢) الاستنساخ في الأغنام (عملية الاستنساخ الوراثي للنعجة دولي باسكتلندا)

تمكن عالم الوراثة البيولوجية Campbell وفريق بحثه (Campbell et al, 1996) في اسكتلندا باستخدام تقنية حيوية اصطلح عليها بالنقل النووي Nuclear transfer فقد أمكن الحصول على نعجة أسماها دولي Dolly كانت بدايتها نقل النواة وما فيها من محتويات وراثية من خلية جسمية من ضرع نعجة بالغة إلى بويضة غير مخصبة منزوعة النواة (خلية جنسية) حسب الشكل رقم (١ , ٢). ومن المعلوم أن الخلية الجسمية في الكبش تحتوي على ٢٦ زوجا من الكروموسومات الجسمية وزوج واحد جنسي (XY)، في حين أن الخلية الجسمية في النعجة تحتوي على ٢٦ زوجا من الكروموسومات الجسمية وزوج واحد جنسي (XX). تم أخذ بويضة غير مخصبة من النعجة رقم (١) ذات الوجه الأسود Black–faced ewe وتمت إزالة نواة هذه البويضة ووضع مكانها نواة ثانية أخذت من خلية جسمية من ضرع نعجة (٢) ذات الوجه الأبيض White–faced ewe. وتم وضع البويضة ذات النواة الجديدة في رحم نعجة ثالثة (٣) ذات الوجه الأسود مستقلة وكانت النتيجة ميلاد النعجة دولي في شهر يوليو ١٩٩٦م كنسخة مطابقة للأصل لأمها.



الشكل رقم (١ , ٢). عملية الاستنساخ الوراثي للنعجة دولي باسكتلندا.



تابع الشكل رقم (١, ٢).

يمكن القول بأن الجديد في هذه التجربة ما يلي :

١- الحصول على نسخ مطابقة للأصل في التركيب الوراثي الكامل دون اللجوء إلى خلايا تناسلية.

٢- أن المحتويات الوراثية أو جينات الخلايا التي مرت بفترة التمييز بصفة خاصة والتطور بصفة عامة والمنقولة من حيوان بالغ قد وجدت قدرتها على التمييز من جديد وإعادة الدورة كاملة عندما وضعت في الخلية الأولى أي في مكان البويضة.

وجدير بالذكر أنه صدر كتاب مترجم للدكتور أحمد مستجير عام ١٩٩٩م بعنوان "الطريق إلى دولي وما بعد الطريق" تناول فيه ما يمكن تحقيقه من خلال الاستنساخ. ويمثل الاستنساخ قفزة في ميدان التحسين الوراثي لحيوانات المزرعة. والفرق هنا بين الاستنساخ وطرق التحسين الوراثي الأخرى يتمثل في نقل التركيب الوراثي كاملا ومطابقا للحيوان المراد استنساخه. وتختص هذه الطريقة بميزتين هامتين تتمثلان في توفير الوقت من ناحية، والتأكد من الحصول على حيوانات محسنة ومطابقة لأجود التراكيب الوراثية الموجودة من ناحية أخرى. وتظهر بذلك إيجابية الطريقة الجديدة مقارنة بإنتاج النسل المحسن عن طريق التزاوج الذي تنتقل فيه فقط نصف الجينات من الآباء وليس تراكيبهما الوراثية كاملة. فالتزاوج يؤدي إلى إنتاج مولود جديد يكون تركيبه الجديد حسب اتحاد أنصاف المورثات بعضها مع بعض وهذا يحدث حسب القدرة الإلهية ومختلف نسبيا التراكيب الوراثية للآباء.

وبالرغم من التخوفات الحالية من خطورة استعمال الاستنساخ في بعض المجالات المعينة فإن الاستنساخ سيلعب دورا مهما في مستقبل الإنتاج الحيواني في العالم. ويمكن أن نعده كأداة لها القدرة على الحصول على تراكيب وراثية ثابتة ومطابقة لتراكيب الحيوانات ذات الإنتاجية والقيم الوراثية المرغوب فيها من الحيوان في أوقات سريعة وموجزة.

(٢,٣,٣) مفهوم الهندسة الوراثية في نقل الجينات

تعد الهندسة الوراثية أداة حديثة تعتمد على عدة علوم أساسية من بينها علوم الخلية والوراثة البيولوجية والجزئية والكيمياء الحيوية والفيزياء الحيوية. ويهتم جانب الهندسة الوراثية التطبيقي إلى تدخل الإنسان كليا أو جزئيا في المادة الوراثية (الجينات) بهدف الوصول في وقت سريع وموجز إلى صفات ذات مقياس عالي في ميادين الإنتاج أو مقاومة الأمراض. ويعد ربح الوقت هنا نقطة إيجابية مقارنة بالطرق التقليدية لعلم تربية وتحسين الحيوان. وفي الفترة الأخيرة ظهرت مجموعة كبيرة من الأبحاث أدت إلى إمكانية التحكم في انتقال الجينات إذ يمكن تحديد وعزل جين معين ثم نقله وزرعه في خلية أخرى. ويستجيب الكائن الجديد لهذا الجين ويظهر علامات الجين المنقول وفعله ومزاياه.

(٢,٣,٤) الخطوات الأساسية للهندسة الوراثية في نقل الجينات:

تعتمد عملية نقل الجينات Gene transfer على اتباع طرق واضحة تضمن سلامة نقل الجين من خلية إلى أخرى مما يمكن للجين المنقول تخليق البروتينات في هذه الخلية الجديدة (عبد التواب ١٩٩٣م). والخطوات المتبعة في تحقيق ذلك تتلخص فيما يلي :

١- عزل الحامض النووي DNA أو الجينات الوراثية من الكائن أو الخلية التي يراد نقل مادته الوراثية ثم تنقيته : توجد سلالات من الحيوانات والدواجن تحتوى خلاياها على كروموسوم يحمل بعض الجينات تمكن الحيوان من مقاومة بعض الأمراض . وقد تمكن العلماء من عزل هذه الكروموسومات وإدخالها إلى خلايا حيوان آخر أظهر مقاومة الحيوان لبعض الأمراض. ومن طبيعة هذه الكروموسومات أنها تتكاثر ذاتيا داخل الخلية الجديدة المضيفة وتنتقل من جيل إلى أخر.

٢- تقطيع الحامض النووي إلى أجزاء حيث يحتوي كل جزء على جين معين: توجد في الخلية أنواع من الأنزيمات تقوم بقطع DNA عند مناطق محددة وتعرف هذه الانزيمات باسم إنزيمات القطع Restriction enzymes المحددة للأحماض النووية الداخلية. وتتميز مناطق القطع باحتوائها على عدد محدد من القواعد النيتروجينية.

ويمكن لهذه الانزيمات قطع خيطي DNA عند مناطق غير متناظرة مما يؤدى إلى أطراف أحادية الخيط. ويسهل التصاق هذه الأطراف بأطراف أخرى متممة ويتم في هذه الحالة قطع الحامض النووي من الخلايا المتبرعة والكروموسوم بانزيم القطع المحدد نفسه. وتضاف الأجزاء المقطوعة من DNA إلى خلية أخري ليتكاثر بداخلها.

٣- التعرف على الجين المطلوب من بين هذه الجينات المعزولة.

٤- نقل الجين المطلوب من الحيوان المعطى إلى الحيوان المستقبل من خلال ناقل مناسب.

الفصل الثالث

التوصيف الوراثي للعشيرة التي تحكمها الجينات الجسمية

من وظائف علم وراثة العشائر Population genetics توضيح السلوك الوراثي لصفات الأفراد والمجاميع طبقا لقواعد الوراثة البسيطة. ويقصد بكلمة العشيرة Population أي مجموعه من الكائنات الحية مثل مجموعة حيوانات في قطيع ما، أو مجموعة أسماك في بحيرة ما، أو مجموعة طيور في مزرعة ما. وهذه العشائر تسمى بالعشائر المندلية Population mendelian وهى العشيرة التي تتكون من أفراد تتزاوج جنسياً وخلطياً. ومن ثم فإنه يلزم دراسة العوامل المحددة للوصف الوراثي للعشيرة الحيوانية٠ وقد ورد عن رايت (Wright, 1969) أهم المواصفات التي يمكن أن توصف بها العشيرة الحيوانية والتي تتمثل في :

١- تكرار التراكيب الوراثية.

٢- التكرار الجيني.

٣- مدى ثبات التكرار الجيني من جيل إلى آخر (أو ما يعرف عنه بالاتزان).

ومن الكتب العربية التي تناولت الخصائص الوراثية للعشائر كتابا «مقدمة في علم تربية الحيوان لعام ١٩٦٦م، والتحسين الوراثي لحيوانات المزرعة لعام ١٩٨٠م» للدكتور أحمد مستجير، وكذلك كتاب "تربية الحيوان لعام ٢٠٠٣م» للدكتور صلاح جلال وحسن كرم.

(٣, ١) العوامل المحددة لوصف العشيرة الحيوانية وراثيا

لكي يتم وصف العشيرة وراثيا يجب توافر الشروط التالية :

١- **حجم العينة** : يعد حجم العينة Sample size عاملا مهما في تمثيل العينة لتلك العشيرة فكلما زاد حجم العينة قربت النتائج إلى الحقيقة وكانت أكثر دقة.

٢- **عشوائية اختيار العينة** : تعد عشوائية اختيار العينة عاملا مهما وهو أن تكون العينة مأخوذة بطريقة عشوائية وغير متحيزة Un-biased. ويقصد بالعشوائية عند أخذ العينة هو أن يكون لكل فرد في العشيرة الفرصة نفسها لأي فرد آخر يؤخذ ليمثل المجموعة.

٣- **عشوائية التزاوج** : يعرف التزاوج العشوائي Random mating بأنه فرصة أي فرد في العشيرة تكون متساوية في أن يتزاوج مع أي فرد فيها. ويعد التزاوج العشوائي أيضا عاملا مهما في وصف العشيرة.

(٣, ٢) تكرار التراكيب الوراثية في حالة وجود زوج واحد من الجينات الجسمية

Genotypic frequency in case of one pair of somatic genes

يفترض وجود موقع جيني Locus معين فيه أليلان يرمز لهما بالرمز A_1 ، A_2 وبذلك يكون هناك ثلاث تراكيب وراثية لهذين الأليلين هي :

$$A_1A_1 \qquad A_1A_2 \qquad A_2A_2$$

ومن المعروف أن الحيوانات الزراعية ثنائية المجموع الكروموسومى Diploid (2N) وبالتالي فإن تكرار التراكيب الوراثية للعشيرة تعرف بأنها نسبة الأفراد التي لها التركيب الوراثي نفسه بالنسبة لمجموع أفراد العشيرة كلها. ويعبر عنها بأنها نسبة وجود تركيب وراثي معين في العشيرة بالنسبة لمجموع الأفراد التي تحتويها هذه العشيرة. فإذا وجد أن أفراد عشيرة تحمل التراكيب الوراثية الآتية :

التراكيب الوراثية Genotypes	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Total
عدد الأفراد No. of individuals	20	50	30	100
تكرارات التراكيب الوراثية Genotypic frequency	$P^2 = 0.2$	$2pq = 0.5$	$q^2 = 0.3$	1.0

فإن تكرار التركيب الوراثي A_1A_1 = عدد الأفراد التي تحمل التركيب A_1A_1 ÷ مجموع الأفراد التي تحتويها العشيرة =٢٠÷١٠٠= ٠,٢
وتكرار التركيب الوراثي A_1A_2 = عدد الأفراد التي تحمل التركيب A_1A_2 ÷ مجموع الأفراد التي تحتويها العشيرة =٥٠ ÷ ١٠٠ = ٠,٥
وتكرار التركيب الوراثي A_2A_2 = عدد الأفراد التي تحمل التركيب A_2A_2 ÷ مجموع الأفراد التي تحتويها العشيرة =٣٠÷١٠٠= ٠,٣
مجموع تكرار التراكيب الوراثية كلها يساوي الواحد الصحيح.

$\therefore P^2 + 2pq + q^2$ .... (١ ,٣)

= ٠,٢ + ٠,٣ + ٠,٥ = ١,٠

مثال محلول : احسب تكرار التراكيب الوراثية في العشائر الآتية :

العشيرة (أ)	aa	Aa	AA	**التراكيب الوراثية Genotypes**
	20	70	10	**عدد الأفراد No. of individuals**
العشيرة (ب)	bb	Bb	BB	**التراكيب الوراثية Genotypes**
	70	30	---	**عدد الأفراد No. of individuals**

بالنسبة للعشيرة (أ) :

Total	**aa**	**Aa**	**AA**	**التراكيب الوراثية**
100	20	70	10	**عدد الأفراد**
1.0	$q^2 = 0.2$	$2pq = 0.7$	$P^2 = 0.1$	**تكرارات التراكيب الوراثية**

تكرار التركيب الوراثي AA هو P^2 = ١٠ ÷ ١٠٠ = ٠,١
تكرار التركيب الوراثي Aa هو $2pq$ = ٧٠ ÷ ١٠٠ = ٠,٧
تكرار التركيب الوراثي aa هو q^2 = ٢٠ ÷ ١٠٠ = ٠,٢

مجموع تكرارات التراكيب الوراثية يكون :

$$p^2 + 2pq + q^2 = 0.1 + 0.7 + 0.2 = 1.0$$

بالنسبة للعشيرة (ب) نجد أن :

التراكيب الوراثية	BB	Bb	bb	Total
عدد الأفراد	--	30	70	100
تكرارات التراكيب الوراثية	0.0	0.3	0.7	1.0

(٣, ٣) حساب التكرار الجيني بالعشيرة في حالة وجود زوج واحد من الجينات الجسمية وأثر الجين تجمعيا

يعد مظهر الصفة Phenotype (P) في أي كائن حي محصلة لتفاعل ما يحمله من جينات هذه الصفة Genotype (G) بالإضافة إلى البيئة التي يعيش فيها Environment (E). ومن ثم فإن P=G+E بمفهوم بسيط. فمثلاً إذا كان حيوان ما يحمل جيناً يساعده على إنتاج اللبن ووجد هذا الحيوان في بيئة يتوافر فيها الغذاء فإنه يعطي لبنا بدرجة غزيرة أكثر من حيوان آخر لا يحمل مثل هذا الجين. وعلى ذلك ففي مجموعة من الحيوانات كلما كبر تكرار الجين المساعد على إنتاج اللبن كان ذلك مرغوبا في كثير من الأحوال. فإذا وجد عدد (N) من الحيوانات فيكون عدد المواقع Loci بالنسبة لكل جين في المجموعة هو (2N)؛ لأن كل حيوان يحمل أليلين من كل جين. وتكرار الجين هو نسبة عدد وحدات جين ما المحمولة على موقع معين من الكروموسوم إلى مجموع وحدات الجينات الأخرى المحمولة على هذا الموقع نفسه من الكروموسوم نفسه. وبمعنى أبسط فإن تكرار الجين هو نسبة عدد المواقع المشغولة بأليل ما إلى كل مواقع هذا الجين. وعليه يمكن استخدام المعادلة الآتية لحساب تكرار الجين :

تكرار الجين = ٢(عدد الأفراد الأصيلة الحاملة لهذا الأليل) + عدد الأفراد الخليطه الحاملة لهذا الأليل / ٢ (عدد الأفراد كلها)

تكرار الجين = عدد الأفراد الأصيلة الحاملة لهذا الأليل + نصف عدد الأفراد الخليطه الحاملة لهذا الأليل / عدد الأفراد كلها ..(٣, ٢)

وعلى هذا إذا فرض أن ثمة قطيعاً مكوناً من ٥٠٠ حيوان تركيبها الوراثية كما يلي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	230	150	120	500

فيكون هناك ١٠٠٠ موقع لهذا الجين (2N = 2 X 500) وعدد المشغول منها بالأليل A =٢(٢٣٠)+١٥٠=٦١٠ موقع بينما عدد المواقع المشغولة بالأليل a = ٢ (١٢٠) + ١٥٠=٣٩٠ موقع ويكون تكرار الأليل A = ٦١٠ ÷ ١٠٠٠ = ٠,٦١

وتكرار الأليل a = ٣٩٠ ÷ ١٠٠٠ = ٠,٣٩

ويمكن التعبير عن علاقة تكرار الجينات والتراكيب الوراثية في صورة أوضح كما يلي:

	Genes الجينات		Genotypes التراكيب الوراثية		
	A	a	AA	Aa	aa
Frequency التكرار	P	q	p^2	2pq	q^2
عدد الأفراد			D	H	R

ويمكن حساب تكرار كل من الجين a، A من عدد أفراد العشيرة كالتالي :

التكرار الجيني للجين A :

$$P_A = (2D+H)/2N = (D+½H)/N \quad ......\ (٣,٣)$$

وفي المثال السابق فإن تكرار الجين A يكون :

$$p_A = [230 + ½ (150)]/500 = 0.61$$

وتكرار الجين a :

$$q_a = (2R+H)/2N = (R+½H)/N \quad ......\ (٣,٤)$$

وفي المثال السابق فإن تكرار الجين a يكون:

$$q_a = \frac{120 + \frac{1}{2}(150)}{500} = 0.39$$

ولذلك يكون P+q = 1 أي أن مجموع التكرارات الجينية يساوي الواحد صحيح.

وكذلك $P2 + 2pq + q2 = 1$ أي أن مجموع تكرارات التراكيب الوراثية على نفس الموقع من الكر وموسوم يساوي الواحد الصحيح أيضا. هذا مع العلم بأن التكرار الجيني يتراوح بين الصفر والواحد الصحيح، كما أن تكرارات التراكيب الوراثية تتراوح بين الصفر والواحد الصحيح.

هذا ويمكن حساب تكرار الجين a ، A من تكرارات التراكيب الوراثية كالتالي (العلاقة بين التكرار الجيني وتكرار التراكيب الوراثية) :

$$\mathbf{p = P^2 + \frac{1}{2}(2pq) = P^2 + pq} \quad \text{.................. (٣ , ٥)}$$

$$\mathbf{q = q^2 + \frac{1}{2}(2pq) = q^2 + pq} \quad \text{.................. (٣ , ٦)}$$

مثال محلول : وجد في وراثة لون الجلد في أبقار الشورتهورن أنه يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية ذات الأثر التجمعي . وفي قطيع من أبقار الشورتهورن وجدت الأعداد التالية للون الجلد الأحمر (RR) والطوبي (Rr) والأبيض (rr) :

التراكيب الوراثية	Red (RR) أحمر	Brown (Rr) طوبي	White (rr) أبيض	Total
عدد الأفراد	16	48	36	100
تكرار التراكيب الوراثية	0.16	0.48	0.36	1.0

فما هو تكرار الجين بهذه المجموعة ؟

$$p_R = \frac{16 + \frac{1}{2}(48)}{100} = 0.4$$

$$q_r = \frac{36 + \frac{1}{2}(48)}{100} = 0.6$$

ويعبر عن تكرار الجين في هذه المجموعة من الحيوانات كما يلي: (0.4 R + 0.6 r)
وإذا ربعنا ما بداخل هذين القوسين نحصل على :

$$(0.4\ R + 0.6\ r)^2 = (0.16\ RR + 0.48Rr + 0.36\ rr)$$

وهي النسب ذاتها التي بدأنا بها المثال (نسب التراكيب الوراثية). وعملية التربيع هذه تمثل التلقيح عشوائيا بين عشيرتين أو مجموعتين تكرار الجين في كل منها هو (0.4 R + 0.6 r) وهذا ما يسمى بالتوزيع (التكرار) الجاميطي Gametic frequency أي النسب المختلفة للجاميطات التي تنتج في العشيرة. بينما يطلق على (0.16RR+0.48Rr+0.36rr) توزيع (أو تكرار) التراكيب الوراثية Genotypic frequency؛ لأنه يدل على النسب الناتجة من التراكيب الوراثية. كما يطلق على توزيع التراكيب الوراثية أيضا بالتوزيع الوراثي Genetic frequency أو التوزيع الزيجوتي Zygotic frequency.

(٤ ,٣) حساب تكرار الجين بالعشيرة في حالة وجود زوج واحد من الجينات الجسمية وأثر الجين سياديا

يصعب في حالة السيادة التامة Complete dominance معرفة الأفراد ذات التركيب الوراثي الخليط من الأفراد ذات التركيب الوراثي النقي للجين السائد. ولذلك يجرى حساب تكرار الجين السائد عن طريق الأفراد ذات التركيب الوراثي النقي للجين المتنحي. إذ يمكن تمييز الأفراد ذات المظهر المتنحي من الأفراد ذات المظهر السائد للصفة.

مثال محلول : ظاهرة الريش الحريري في الدجاج ترجع إلى جين متنحي جسمي يسمى **h** في حين الجين السائد **H** فمسئول عن ظهور الريش الطبيعي. لنفرض أنه في قطيع من الدجاج مكون من ٥٠٠ طائر ظهرت فيه خمسة طيور ذات ريش حريري. احسب تكرار الجين في هذا القطيع ؟

الحل

من المعلوم أن الطيور ذات الريش الحريري تحمل الجين المتنحي بحالة زوجية **hh** فيكون تكرارها :

$$q^2 = 5/500 = 0.01$$

إذاً تكرار الجين h يكون :

$$q_h = \sqrt{q^2} = \sqrt{0.01} = 0.1$$

وبالتالي فتكرارات التراكيب الوراثية تكون :

التراكيب الوراثية	**HH** ريش طبيعي	**Hh** ريش طبيعي	**hh** ريش حريري	**Total**
عدد الأفراد	495		5	500
تكرار التراكيب الوراثية	0.99		0.01	1.0
	P^2	2pq	q^2	

وبما أن مجموع تكرار الجينات يساوي الواحد الصحيح فيمكن حساب تكرار الجين **H** كما يلي :

$$P_H = 1-q = 1-0.1 = 0.9$$

(٣, ٥) التزاوج العشوائي بالعشيرة في حالة وجود زوج واحد من الجينات الجسمية وأثر الجين تجمعيا

(٣, ٥, ١) المفهوم الوراثي

يقصد بالتزاوج العشوائي أن أي فرد في المجموعة أو العشيرة لديه الفرصة نفسها لتلقيح أي فرد من الجنس الآخر. أي أنه لا يوجد تحيز Bias في اختيار ذكر دون أخر لتلقيح أنثى أو أخرى. وطريقة حساب التوزيع الزيجوتي أو تكرار التراكيب الوراثية سابقة الذكر تصلح فقط عندما يكون التلقيح عشوائيا. أما إذا كان هناك تحيز لتركيب وراثي معين فإن النسب تختلف وبالتالي لا تمثلها المعادلات السابقة.

وعندما يتزاوج أفراد العشيرة عشوائيا فيكون اتحاد جاميطات هذه الأفراد عشوائياً أيضاً، كما يكون تكرار الجاميطات مساويا لتكرار الجينات التي تحملها هذه الجاميطات. وعليه فإنه عندما تتزاوج الأفراد عشوائيا يكون تكرار النسل الناتج من التزاوج العشوائي كما يلي :

تكرار التراكيب الوراثية = (التوزيع أو التكرار الجاميطى)٢ =

(التوزيع أو التكرار الجيني)٢ .... (٣ , ٧)

جاميطات الذكر وتكرارها	جاميطات الأنثى وتكرارها	
	A p	a q
A p	AA P^2	Aa Pq
a q	aA pq	aa q^2

حيث p = تكرار الجاميطة A ، q = تكرار الجاميطة a.

وبالتالي فإن بيانات النسل الناتج تكون كالتالي :

التراكيب الوراثية Genotypes	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية Genotypic frequency	P^2	2pq	q^2	1

كما يكون مربع مجموع تكرار الجينات = مجموع تكرار التراكيب الوراثية = الواحد الصحيح.

$$\therefore (P + q)^2 = P^2 + 2pq + q^2 = 1.0$$

وعندما يتزاوج أفراد العشيرة عشوائيا فيكون مربع مجموع تكرار التراكيب الوراثية مساويا لمجموع تكرار التزاوج بين أفراد العشيرة كما هو موضح في الجدول رقم (١ , ٣).

الجدول رقم (١ ,٣). تكرار التراكيب الوراثية وتكرار التزاوج بين أفراد العشيرة في حالة تزاوج أفراد العشيرة عشوائيا.

التراكيب الوراثية للذكور وتكرارها	التراكيب الوراثية للإناث وتكرارها AA	Aa	aa	Total
	P^2	$2pq$	q^2	
AA P^2	P^4	$2p^3q$	P^2q^2	$P^2(p^2+2pq+q^2)=p^2$
Aa 2pq	$2p^3q$	$4p^2q^2$	$2pq^3$	$2pq(p^2+2pq+q^2)=2pq$
aa q^2	p^2q^2	$2pq^3$	q^4	$q^2(p^2+2pq+q^2)=q^2$
Total	$P^2(p^2+2pq+q^2)=p^2$	$2pq(p^2+2pq+q^2)=2pq$	$q^2(P^2+2pq+q^2)=q^2$	1.0

وبالتالي فإن مجموع تكرار التزاوج في العشيرة كلها يساوي مربع مجموع تكرار التراكيب الوراثية. أي أن :

التكرار التزاوجي = (التكرار الزيجوتي)٢

(٣ , ٨)........... Mating frequency = (Zygotic frequency)²

$$P^2(P^2+2pq+q^2) + 2pq\,(p^2+2pq+q^2) + q^2\,(p^2 + 2pq + q^2)$$
$$= (p^2 + 2pq + q^2)\,[\,P^2 + 2pq + q^2] = (p^2 + 2pq + q^2)^2 = 1$$

وهنا يلاحظ أيضا أن مجموع تكرار التزاوج في العشيرة (أي التوزيع التزاوجي) يساوي الواحد الصحيح أيضا. وعليه يكون التوزيع التزاوجي Mating frequency مساوياً لمربع التوزيع الزيجوتي في العشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.

(٣, ٥, ٢) اختبار عشوائية التزاوج بالعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

وفى كثير من الأحيان يمكن التحقق عما إذا كانت العشيرة تتزاوج عشوائيا أم لا وذلك بمقارنة نسب التراكيب الوراثية الملاحظة Observed genotypes بنسب التراكيب الوراثية المتوقعة Expected genotypes فإن كانت النسب الملاحظة تطابق النسب المتوقعة فإن العشيرة يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي والعكس صحيح. كذلك يمكن اختبار عشوائية التزاوج في العشيرة بحساب قيمة مربع كاي ومقارنة هذه القيمة بقيمة مربع كاي الجدولية فإذا كانت قيمة مربع كاي المحسوبة أكبر من قيمة مربع كاي الجدو لية يعني ذلك وجود فروق معنوية بين الأعداد المشاهدة والأعداد المتوقعة ومن ثم فإن العشيرة لا يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي والعكس صحيح.

χ^2 = **مجموع [(الأعداد المشاهدة – الأعداد المتوقعة)^{٢} ÷ الأعداد المتوقعة]**

$$\chi^2 = \sum \frac{(Observed - Expected)^2}{Expected}$$

$$\chi^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E} \qquad \text{(٣, ٩)...........}$$

حيث إن :

χ^2 = قيمة مربع كاي.

O = الأعداد المشاهدة (الأعداد الفعلية) للتراكيب الوراثية.

E = الأعداد المتوقعة للتراكيب الوراثية عند إتباع التزاوج العشوائي.

مثال محلول رقم (١) : في صفة إنتاج التوائم في الماعز تم حصر التراكيب الوراثية التالية في قطيع ما :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد الفعلي	تكرار التراكيب الفعلي	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	عدد الأفراد المتوقع	$\chi^2 = \frac{(O-E)^2}{E}$
TT	230	0.46	$P^2=(0.61)^2=$ 0.3721	$P^2N=(0.3721)$ $(500)=186$	10.4
Tt	150	0.30	$2pq=2(0.61)$ $(0.39)=$ 0.4758	$(2pq)N=$ $(0.4758)(500)=$ 238	32.5
tt	120	0.24	$q^2=(0.39)^2=$ 0.1521	$q^2N=(0.1521)$ $(500)=74$	28.6
Total	500	1.0	$P^2+2pq+q^2$ $=1.0$	500	$\chi^2=\sum\frac{(O-E)^2}{E}=68.4$

حيث TT = ثلاثة أفراد في الولادة ، Tt = فردين في الولادة ، tt = فرد واحد في الولادة.

$$p = 0.46 + ½ (0.3) = 0.61$$
$$q = 0.39$$

وعند حساب درجات الحرية (**d.f**) فإنه يتم خصم درجة حرية واحدة لتقدير التكرار الجيني (لكل من **T**، **t**) ودرجة أخرى لتقدير عدد الأفراد المتوقعة. ومن ثم فإن درجات الحرية تساوي ٣-٢ = ١، وبمقارنة قيمة مربع كاي الجدولية (٣,٨٤) بقيمة مربع كاي المحسوبة يلاحظ أن قيمة مربع كاي المحسوبة أكبر من قيمة مربع كاي الجدولية وبالتالي توجد هناك فروق معنوية بين الأعداد المشاهدة والأعداد المتوقعة لكل تركيب وراثي. لذا فإن العشيرة لا يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي.

مثال محلول رقم (٢) : في صفة لون الشعر لقطيع ما من أبقار الشورتهورن وجد أن أعداد الأفراد للتراكيب الوراثية كان كالآتي :

التراكيب الوراثية	**Red (RR)**	**Brown (Rr)**	**White (rr)**	**Total**
عدد الأفراد	476	438	86	1000

أوجد تكرار الجين ثم وضح هل هذه العشيرة اتبع فيها نظام التزاوج العشوائي أم لا ؟

تكرار الجين R هو $\frac{476 + \frac{1}{2}(438)}{1000} = 0.695$

تكرار الجين r هو $\frac{86 + \frac{1}{2}(438)}{1000} = 0.305$

وبالتالي يمكن حساب تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة وعدد الأفراد المتوقع كالتالي :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد المشاهدة	تكرار التراكيب الوراثية المشاهدة	تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة	عدد الأفراد المتوقع	$\chi^2 = \frac{(O-E)^2}{E}$
RR	476	0.476	$P^2 = (0.695)^2$ 0.483 =	$P^2N = 483$	$(476-483)^2/483$ =0.102
Rr	438	0.438	2pq= 2(0.695) (0.305)= 0.424	2pqN = 424	$(438-424)^2/424$ = 0.462
rr	86	0.086	$q^2=(0.305)^2=$ 0.093	$q^2N = 93$	$(86-93)^2/93$ =0.527
المجموع	1000	1.0	1.0	1000	$\chi^2 = 1.09$

وبمقارنة قيمة مربع كاي المحسوبة بقيمة مربع كاي الجدولية عند درجات حرية واحدة (=٣,٨٤) يلاحظ أن قيمة مربع كاي المحسوبة أقل من قيمة مربع كاي الجدولية وبالتالي فإن الفروق بين الأعداد المشاهدة والأعداد المتوقعة لكل تركيب وراثي غير معنوية. لذا نجد أن العشيرة يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي. هذا ويلاحظ على هذه العشيرة عدم الاتزان كما سيوضح فيما بعد.

(٣,٦) قانون الاتزان بالعشيرة في حالة وجود زوج واحد من الجينات الجسمية

تم اشتقاق قانون الاتزان لهاردي فينبرج Hardy-Weinberg Law من قبل العالم الإنجليزي Hardy بالاشتراك مع العالم الألماني Weinberg. وينص هذا القانون على أنه في العشائر كبيرة العدد والتي تتزاوج عشوائيا وفى غياب القوى التي تغير من تكرار الجين (الصدفة – الطفرة – الهجرة – الانتخاب) فإن تكرار الجين (التوزيع الجاميطى) وتكرار التراكيب الوراثية (التوزيع الزيجوتي) يظلان ثابتين من جيل إلى آخر. ويطلق على حالة الاتزان هذه باتزان هاردي واينبرج. ومن الجدول تزاوج التراكيب الوراثية للإناث والذكور السابق ذكره وفي حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا يمكن إثبات هذا القانون كما هو موضح في الجدول رقم (٣,٢). ومنه نجد أن مجموع تكرار التزاوج وكذلك تكرار التراكيب الوراثية في النسل الناتج يساوي الواحد الصحيح :

$$P^2 + 2pq + q^2 = 1.0$$

وتكرار الجين **A** في النسل الناتج يكون :

$$P_A = [P^4 + 2p^3q + P^2q^2] + ½ [2p^3q + 2p^2q^2 + 2p^2q^2 + 2pq^3]$$
$$= P^2 [P^2 + 2Pq + q^2] + ½ (2pq) [p^2 + 2pq + q^2]$$
$$= P^2 + pq = P (P+q) = P$$

وكذلك فإن تكرار الجين **a** في النسل الناتج يكون :

$$q_a = [p^2q^2 + 2pq^3 + q^4] + ½ [2p^3q + 2p^2q^2 + 2p^2q^2 + 2pq^3]$$
$$= q^2 [P^2 + 2Pq + q^2] + ½ (2pq) [p^2 + 2pq + q^2]$$
$$q_a = q^2 + pq = q (P+q) = q$$

وعليه يمكن القول بأنه في حالة كون الجين ذا أثر تجمعي فإن تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية في جيل الأبناء (النسل) يكون مساوياً لتكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية في جيل الآباء، أي أن تكرار الجين يظل ثابتا ولم يتغير من جيل الآباء إلى جيل الأبناء وبالتالي فإن العشيرة يطلق عليها أنها في حالة اتزان Population in equilibrium .

الجدول رقم (٢ ,٣). تكرار التراكيب الوراثية في جيل الآباء وتكرار التراكيب الوراثية في جيل الأبناء (النسل) في حالة اتزان العشيرة وأثر الجين تجمعيا.

الآباء المتزاوجة وتكراراتها **Parental matings**	تكرار التزاوج **Mating frequency**	التراكيب الوراثية في النسل الناتج وتكراراتها **Genotypes of offspring and their frequencies**		
		AA	**Aa**	**aa**
AA X AA p^2 x p^2	p^4	p^4		
2(AA X Aa) p^2 x 2pq	$4p^3q$	$2p^3q$	$2p^3q$	
2(AA X aa) p^2 x q^2	$2p^2q^2$		$2p^2q^2$	
Aa X Aa 2pq x 2pq	$4p^2q^2$	p^2q^2	$2p^2q^2$	p^2q^2
2(Aa X aa) 2pq x q^2	$4pq^3$		$2pq^3$	$2pq^3$
aa X aa q^2 x q^2	q^4			q^4
Total	$P^2+2pq+q^2 = 1$	p^2	2pq	q^2
Total		$P^2+2pq+q^2 = 1$		

مثال محلول: إذا كان تكرار التراكيب الوراثية لعشيرة ما هو:

التراكيب الوراثية	**AA**	**Aa**	**aa**	**Total**
عدد الأفراد	30	50	30	110
تكرار التراكيب الوراثية	0.273	0.454	0.273	1.0

فهل يتغير تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني بعد جيل من التزاوج العشوائي ؟

الحل

$$P_A = 0.273 + ½ (0.454) = 0.5$$
$$q_a = 0.5$$

وبالتالي فإن هذه العشيرة تعطي تكرارا جينيا قدره (0..5A + 0.5a)، وعند حدوث تزاوج عشوائي بين أفراد هذه العشيرة فإن تكرار التراكيب الوراثية في هذه العشيرة يصبح :

تكرار الجين للإناث	تكرار الجين للذكور	
	A P= 0.5	a q= 0.5
A p= 0.5	AA P^2= 0.25	Aa Pq= 0.25
a q= 0.5	aA pq= 0.25	aa q^2= 0.25

حيث p = تكرار الجاميطة A، q = تكرار الجاميطة a.

وبالتالي فإن بيانات النسل الناتج تكون كالتالي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية	0.25	0.50	0.25	1

والتكرار للتراكيب الوراثية يختلف عن تكرار التراكيب الوراثية الذي بدأنا به.

في حين يلاحظ أن التكرار الجيني للعشيرة الناتجة من التلقيح العشوائي لم يتغير.

$$P_A = 0.25 + ½ (0.50) = 0.5$$
$$q_a = 0.5$$

وهذا التكرار الجيني ينتج منه تكرار للتراكيب الوراثية مقداره (0.25AA + 0.50Aa + 0.25aa) أي تكرار التراكيب الوراثية نفسه السابق ذكره في العشيرة. وعلى ذلك يمكن القول أن تكرار التراكيب الوراثية في العشيرة وصل إلى حالة الاتزان لهاردي وينبرج بعد جيل من التزاوج العشوائي وسيظل هكذا، طالما أن التلقيح عشوائي وتكرار الجين لم يتغير.

(٣, ٦, ١) طرق اختبار الاتزان في العشائر الحيوانية التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية وأثر الجين تجمعيا

ورد عن Falconer في كتابه (Falconer, 1989) عدة طرق لاختبار حالة الاتزان في العشائر نذكر منها الآتي :

١- إذا كان ناتج عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa ÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب [(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي السائد AA) × (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي المتنحي aa)] يساوي ٢ كانت العشيرة متزنة، وعكس ذلك تكون العشيرة في حالة عدم اتزان. أي أن :

$$\frac{Aa}{\sqrt{(AA)(aa)}} = 2 \quad \text{......................} \quad (٣, ١٠)$$

٢- إذا تساوى الناتج في طرفي المعادلة التي تنص على أن مربع عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa = ٤ × (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي السائد AA)×(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي المتنحي aa) كانت العشيرة متزنة، وعكس ذلك تكون العشيرة في حالة عدم اتزان. أي أن :

$$(Aa)^2 = 4[(AA)(aa)] \quad \text{......................} \quad (٣, ١١)$$

٣- يحسب تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة ومنها تحسب عدد الأفراد المتوقعة مقابل كل تركيب وراثي كما هو موضح في الجدول رقم (٣, ٣)، فإذا تساوت الأعداد الفعلية مع الأعداد المتوقعة لكل تركيب وراثي كانت العشيرة متزنة، وعكس ذلك تكون العشيرة في حالة عدم اتزان.

الجدول رقم (٣, ٣). كيفية حساب تكرار التراكيب الوراثية المتوقع وعدد الأفراد المتوقع لاختبار الاتزان بالعشيرة

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد الفعلي (n)	تكرار التراكيب الوراثية الفعلي	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	عدد الأفراد المتوقع (E_n)
AA	n_1	n_1/N	P^2	$En_1 = P^2N$
Aa	n_2	n_2/N	2pq	$En_2 = 2PqN$
aa	n_3	n_3/N	q^2	$En_3 = q^2N$
Total	N	1.0	1.0	N

فإذا كانت من $n_3 = En_3, n_2 = En_2, n_1 = En_1$ كانت العشيرة متزنة، أما إذا كانت $n_3 \neq E n_3$ ، $n_2 \neq En_2$ ، $n_1 \neq En_1$ كانت العشيرة غير متزنة.

٤- يقارن نسبة الخليط المحسوبة بعد التزاوج العشوائي بالقيمة **2pq** بالعشيرة الأصلية فإذا كانت نسبة الخليط المحسوبة مساوية لهذه القيمة فإن العشيرة تكون في حالة اتزان. هذا وقد وجد في المثال السابق أن نسبة التراكيب الوراثية الخليطة في العشيرة المتزنة لا تتعدى عن ٥٠٪ ، أي أن 2pq= 0.5 وعادة تصل نسبة التراكيب الوراثية الخليطة ٥٠٪ عندما يكون تكرار الجين يساوي ٥ , ٠ أي أن :

$$P = q = 0.5$$
$$\therefore\ 2pq = 2(0.5)(0.5) = 0.5$$

(٢ ,٦ ,٣) أمثلة محلولة لاختبار الاتزان في العشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية وأثر الجين تجمعيا

مثال محلول رقم (١) : اختبر حالة الاتزان في العشيرتين التاليتين :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد في العشيرة الأولى	432	576	192	1200
عدد الأفراد في العشيرة الثانية	552	336	312	1200

الحل

١ - اختبار الاتزان بالعشيرة الأولى

أ) ناتج عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa ÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب [(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA) × (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa)] يساوي ٢ ومن ثم فالعشيرة متزنة :

$$\frac{Aa}{\sqrt{(AA)(aa)}} = 2$$

$$\therefore \frac{576}{\sqrt{(432)(192)}} = 2$$

ب) مربع عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa = ٤(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA) (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa) ومن ثم فالعشيرة متزنة :

$$\because (Aa)^2 = 4[(AA)(aa)]$$

$$\therefore (576)^2 = 4[(432)(192)]$$

$$\therefore 331776 = 331776$$

جـ) تساوت الأعداد الفعلية مع الأعداد المتوقعة لكل تركيب وراثي ومن ثم كانت العشيرة متزنة :

تكرار الجين : p = (432+288)/1200= 0.6 A

تكرار الجين : q = 0.4 a

وتحسب الأعداد المتوقعة على النحو التالي :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد الفعلي (n)	تكرار التراكيب الوراثية الفعلي	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	عدد الأفراد المتوقع (E_n)
AA	n_1= 432	432 ÷ 1200=0.36	$P^2=(0.6)^2=0.36$	En_1 = 0.36(1200) = 432
Aa	n_2=576	576 ÷ 1200=0.48	2pq= 2(0.6)(0.4) = 0.48	En_2= 0.48(1200) = 576
aa	n_3=192	192 ÷ 1200=0.16	$q^2=(0.4)^2=0.16$	En_3= 0.16(1200) = 192
Total	N =1200	1.0	1.0	N=1200

د) تقارن نسبة الخليط المحسوبة بالقيمة 2pq في العشيرة الأصلية :

نسبة الخليط = ٢(٦, ٠) (٤, ٠) = ٤٨, ٠

وهذه النسبة تساوي القيمة 2pq في العشيرة الأصلية ومن ثم فإن العشيرة متزنة.

يلاحظ من جميع الاختبارات التي أجريت أن العشيرة الأولى في حالة اتزان.

٢- اختبار الاتزان للعشيرة الثانية

أ) ناتج عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa ÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA)(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa) لا يساوي ٢ ومن ثم فالعشيرة غير متزنة :

$$\frac{336}{\sqrt{(552)(312)}} \neq 2$$

ب) مربع عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa لا يساوي ٤(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA) (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa) ومن ثم فالعشيرة غير متزنة :

$$(336)^2 = 4(522)(312)$$
$$\therefore\ 112896 \neq 68889$$

جـ) استخدام جدول مربع كاي :

تكرار الجين A : $p = (522+168)/1200 = 0.6$

تكرار الجين a : $q = 0.4$

وتحسب الأعداد المتوقعة على النحو التالي :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد الفعلي (n)	تكرار التراكيب الوراثية الفعلي	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	عدد الأفراد المتوقع (E_n)
AA	n_1= 552	552 ÷ 1200= 0.46	$P^2=(0.6)^2 = 0.36$	$En_1 = 0.36(1200) = 432$
Aa	n_2= 336	336 ÷ 1200= 0.28	2pq= (0.6)(0.4) = 0.48	$En_2 = 0.48(1200) = 576$
aa	n_3= 312	312 ÷ 1200= 0.26	$q^2=(0.4)^2= 0.16$	$En_3 = 0.16(1200) = 192$
Total	N = 1200	1.0	1.0	N= 1200

يلاحظ أن :

- عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa ÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA)(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa ≠٢).
- مربع عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa لا يساوي ٤(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA)(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa)
- $n_3 \neq En_3$, $n_2 \neq En_2$, $n_1 \neq En_1$
- نسبة الخليط وهي ٢(٠,٦)(٠,٤) = ٠,٤٨ لا تساوي القيمة 2pq في العشيرة الأصلية لذلك فالعشيرة الثانية ليست في حالة اتزان.

مثال محلول رقم (٢) : في قطيع من أبقار الشورتهورن وجدت الأعداد التالية طبقا للون الشعر فهل هذه العشيرة متزنة أم لا؟

WW	Ww	ww	Total
160	480	360	1000

$$p = \frac{160 + \frac{1}{2}(480)}{1000} = 0.4$$

$q= 1-P = 0.6$

وبما أن نسبة الخليط يمكن حسابها كالآتي :

$2pq = 2(0.4)(0.6) = 0.48$

وهذه القيمة مساوية لنسبة التركيب الوراثي الخليط، ومن ثم فإن العشيرة متزنة.

مثال محلول رقم (٣) : هل العشيرة التالية في حالة اتزان أم لا ؟

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد في العشيرة	30	20	50	100
نسبة الأفراد في العشيرة	0.3	0.2	0.5	1.0

$p = [30+½(20)]/100=0.4$ $\therefore q= 1-p= 0.6$

ونسبة الخليط المحسوبة هي $2pq = 2(0.4)(0.6) = 0.48$

وبما أن نسبة التركيب الوراثي الخليط بالعشيرة الأصلية يساوي ٢,٠، إذاً العشيرة ليست في حالة اتزان. متى تصل هذه العشيرة إلى حالة الاتزان ؟ تصل العشيرة إلى حالة الاتزان بعد جيل واحد من التزاوج العشوائي حيث نحصل على :

P^2	2pq	q^2
0.16	**0.48**	**0.36**

وبالتالي فإن $P = 0.4$، $q = 0.6$ وأن نسبة الخليط المحسوبة تساوي $2pq = 0.48$ أي أن قيمة 2pq تساوي نسبة الخليط المحسوبة وبالتالي وصلت العشيرة إلي حالة الاتزان بعد جيل واحد من التزاوج العشوائي.

مثال محلول رقم (٤) : في قطيع أبقار الشورتهورن السابق ذكره حيث كانت الأعداد المشاهدة طبقا للون الشعر كما يلي :

أحمر RR	طوبي Rr	أبيض rr	Total
476	438	86	1000

فهل العشيرة متزنة أم لا ؟

الحل

يمكن اختبار الاتزان بالعشيرة بأحد الاختبارات التالية :

١- عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Aa ÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي AA)(عدد أفراد التركيب الوراثي النقي aa).

إذا كان الناتج يساوي ٢ كانت العشيرة متزنة وعكس ذلك لا تكون العشيرة متزنة وفى مثالنا هذا نجد أن :

$$\frac{438}{\sqrt{(476)(86)}} = 2.16 \neq 2$$

إذاً العشيرة غير متزنة.

٢- مربع عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط Rr = ٤ (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي RR) (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي rr) فإذا تساوي الناتج في طرفي المعادلة كانت العشيرة متزنة وعكس ذلك تكون العشيرة في حالة عدم اتزان. وفى مثالنا هذا يلاحظ أن :

$$(438)^2 = 4(476)(86)$$
$$\therefore 191844 \neq 163744$$

٣- إذا تساوت الأعداد المشاهدة مع الأعداد المتوقعة لكل تركيب وراثي كانت العشيرة متزنة وعكس ذلك لا تكون العشيرة متزنة. ومن جدول مربع كاي السابق ذكره في اختبار عشوائية التزاوج في العشيرة نشاهد أن عدد الأفراد المتوقع لكل تركيب وراثي لا يساوي الأعداد المشاهدة لكل تركيب مناظر ومن ثم فإن العشيرة غير متزنة.

٤- نسبة الخليط المحسوبة لا تساوي قيمة 2pq بالعشيرة الأصلية ومن ثم فإن العشيرة غير متزنة. وفي مثالنا نجد أن :

$$p = 0.695 \qquad q = 0.305$$
$$2pq = 2(0.695)(0.305) = 0.424 \neq 0.438$$

(٣, ٦, ٣) أمثلة محلوله لاختبار الاتزان في العشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية وأثر الجين سياديا

مثال محلول رقم (١) : في مثال ظاهرة الريش الحريري في الدجاج السابق ذكره لنفرض أنه في قطيع من الدجاج مكون من ٥٠٠ طائر ظهرت فيه خمسة طيور ذات ريش حريري فهل هذا القطيع في حالة اتزان أم لا ؟

من المعلوم أن الطيور ذات الريش الحريري تحمل الجين المتنحي بحالة زوجية **hh** فيكون تكرارها :

$$q^2 = 5/500 = 0.01$$

إذاً تكرار الجين h يكون:

$$q_h = \sqrt{q^2} = \sqrt{0.01} = 0.1$$

وبالتالي فتكرارات التراكيب الوراثية تكون :

التراكيب الوراثية	HH ريش طبيعي	Hh ريش طبيعي	hh ريش حريري	Total
عدد الأفراد	495		5	500
تكرار التراكيب الوراثية	0.99		0.01	1.0
	P^2	2pq	q^2	

وحيث أن مجموع تكرار الجينات يساوي الواحد الصحيح فيمكن حساب تكرار الجين **H** كما يلي:

$$P_H = 1\text{-}q = 1\text{-}0.1 \;=\; 0.9$$

وعليه يمكن وضع النتائج السابقة في جدول مربع كاي كالتالي :

التراكيب الوراثية	مظهر الصفة	عدد الأفراد الفعلي	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	عدد الأفراد المتوقع
HH ريش طبيعي	سائد	495	$P^2 = (0.9)^2 = 0.81$	$NP^2 = (500)(0.81) = 405$
Hh ريش طبيعي	سائد		$2pq = 2(0.9)(0.1)=0.18$	$(N)(2pq) = (500)(0.18)=90$
hh ريش حريري	متنحي	5	$q^2 = (0.1)^2 = 0.01$	$Nq^2 = (500)(0.01) = 5$
Total		N = 500	$P2+2pq + q^2 = 1$	500

فإذا كان عدد أفراد التركيب الوراثي الخليط المتوقع **Hh** ÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي **HH** المتوقع) (عدد أفراد التركيب الوراثي النقي **hh** المتوقع) = ٢ يمكن القول إن العشيرة متزنة. ومن الجدول السابق نجد أن :

$$\frac{90}{\sqrt{(405)(5)}} = \frac{90}{45} = 2$$

وبالتالي فإن العشيرة متزنة.

مثال محلول رقم (٢) : إذا فرض أن هناك عشيرة ملونة من الماعز يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية ذات السيادة التامة وأن هذه العشيرة تتكون من ١٠٠ فرد. حسبت نسبة الأفراد البيضاء بالنسبة لتعداد العشيرة كلها وجد أنها ٤٪. احسب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني لهذه العشيرة وهل هذه العشيرة متزنة أم لا (متى تصل العشيرة للاتزان).

الحل

١ - حساب التكرار الجيني وعدد الأفراد المتوقع للتراكيب الوراثية :

التراكيب الوراثية Genotypes	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Total
نسبة الأفراد	0.96		0.04	1.0
تكرار التراكيب الوراثية	P^2	2pq	q^2	

$$q^2 = 0.04$$
$$\therefore q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0.04} = 0.2$$
$$\therefore p = 1 - 0.2 = 0.8$$

وبما أن p، q معروفة أي التكرار الجيني فمنه يمكن حساب قيمة تكرار التراكيب الوراثية المتوقع كما يلي :

التراكيب الوراثية Genotypes	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Total
تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	0.64	0.32	0.04	1.00

أي أن التراكيب الوراثية تمثل ٤٪ أبيض، ٣٢٪ ملون (خليط) غير متماثل، ٦٤٪ ملون متماثل من العشيرة. وتكون الأعداد المتوقعة لكل تركيب وراثي هي :

الأعداد المتوقعة للتركيب الوراثي A_1A_1 هي:

$$P^2N = (0.64)(100) = 64$$

الأعداد المتوقعة للتركيب الوراثي A_1A_2 هي :

$$2pqN = (0.32)(100) = 32$$

الأعداد المتوقعة للتركيب الوراثي A_2A_2 هي :

$$q^2N = (0.04)(100) = 4$$

وعليه فإن تكرار التراكيب الوراثية المتوقع وكذلك عدد الأفراد المتوقع مقابل كل تركيب وراثي يمكن توضيحه في الجدول التالي :

التراكيب الوراثية	مظهر الصفة	عدد الأفراد الفعلي	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع	عدد الأفراد المتوقع
A_1A_1	سائد	96	$P^2 = 0.64$	$NP^2 = 64$
A_1A_2	سائد		$2pq = 0.32$	$(N)(2pq) = 32$
A_2A_2	متنحي	4	$q^2 = 0.04$	$Nq^2 = 4$
Total		N= 100	$P^2+2pq + q^2 = 1$	100

وما دامت العشيرة تتزاوج عشوائياً ويتحكم في الصفة زوج واحد من الجينات الجسمية One pair of autosomal genes ومع افتراض أن العشيرة ليست في حالة اتزان فإن جيلا واحدا من التزاوج العشوائي يوصلها إلى حالة الاتزان.

٢- اختبار حالة الاتزان من التكرار الجيني المتوقع :

$$p = 0.64 + ½ (0.32) = 0.8 \qquad q = 0.2$$

أ) نسبة الخليط المحسوبة وهي $pq = 2(0.8)(0.2) = 0.32$ وهذه النسبة تساوي قيمة 2pq للتركيب الوراثي الخليط المتوقع بالجدول السابق ومن ثم فإن العشيرة متزنة.

ب) إذا كان ناتج قسمة الأعداد المتوقعة للتركيب الوراثي الخليط على الجذر التربيعي لحاصل ضرب الأعداد المتوقعة للتراكيب الوراثية النقية يساوي ٢ كانت العشيرة في حالة اتزان، أي أنه:

$$\frac{A_1A_2}{\sqrt{(A_1A_1)(A_2A_2)}} = \frac{32}{\sqrt{(64)(4)}} = 2.0$$

إذاً العشيرة في حالة اتزان.

تمرين : يحسب هل العشيرة السابقة يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي أم لا ؟

مثال محلول رقم (٣) : إذا كانت الأفراد BB، Bb سوداء بينما الأفراد bb بيضاء أوجد التكرار الجيني الناتج من كل من العشائر الآتية علماً بأنها تتزاوج عشوائيا لأجيال عديدة ويحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية ذات السيادة التامة ثم اختبر للاتزان.

(أ) ٩٦ أسود ، ٤ أبيض. (ب) ٣٦ أسود ، ٦٤ أبيض.

(ج) ٦٤ أسود ، ٣٦ أبيض.

الحل

سوف نقوم هنا باختبار الاتزان بالنسبة للعشيرة (ج) فقط :

التراكيب الوراثية	BB	Bb	bb	Total
عدد الأفراد	64		36	100
تكرار التراكيب الوراثية	0.64		0.36	1.00

$$q^2 = 0.36$$
$$\therefore q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0.36} = 0.6$$
$$\therefore p = 1 - 0.6 = 0.4$$

وبالتالي فإن التكرار الجيني يكون : (0.4B + 0.6 b)

وأن تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل واحد من التزاوج العشوائي يكون :

التراكيب الوراثية	BB	Bb	bb	Total
تكرار التراكيب الوراثية	0.16	0.48	0.36	1.00

$P = 0.4$ $q = 0.6$

نسبة الخليط المحسوبة هي $2pq = 2(0.4)(0.6) = 0.48$

وبما أن نسبة الخليط المحسوبة تساوي تكرار التركيب الوراثي الخليط المتوقع فإن العشيرة متزنة.

(٣, ٧) حساب تكرار الجين في النسل الناتج من التزاوج العشوائي في العشيرة التي يحكمها الجينات الجسمية وفي حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا

(٣, ٧, ١) مفهوم تكرار الجين لعشيرة الذكور وعشيرة الإناث

يمكن حساب التكرار الجيني في العشيرة الناتجة من التزاوج العشوائي بين ذكور وإناث عشيرتين مختلفتين وفى حالة وجود الجينات ذات الأثر التجمعي Additive effect. ويمكن تمثيل ذلك بالرسم التالي :

الذكور		التكرار الجاميطي (التكرار الجيني)
q_a	p_A	الإناث
Aa pq	AA P^2	p_A
aa q^2	Aa pq	q_a

وفى هذا الرسم نجد أن التقسيم الأفقي يمثل التكرار الجيني للإناث والتقسيم الرأسي يمثل التكرار الجيني للذكور. وعادة لا يشترط أن يكون التكرار الجيني للذكور هو نفسه للإناث فقد تكون الذكور مثلا من عشيرة يختلف فيها تكرار الجين عن العشيرة التي تؤخذ منها الإناث. وفى هذه الحالة يكون التقسيم الأفقي مخالفا للتقسيم الرأسي.

(٣, ٧, ٢) أمثلة محلوله لحساب تكرار الجين في النسل الناتج من التزاوج العشوائي في العشيرة التي يحكمها الجينات الجسمية وفي حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا

مثال محلول رقم (١): استخدمت ذكور عشيرة ذات تكرارات للتراكيب هي (0.04AA + 0.32Aa + 0.64aa) في تلقيح إناث عشيرة أخرى ذات تكرارات للتراكيب هي (0.16AA + 0.48Aa + 0.36aa) فهل العشيرتان متزنتان أم لا ؟ ثم احسب التكرار الوراثي (التكرار الزيجوتي) للعشيرة الناتجة من تزاوجهما عشوائيا.

(أ) حساب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في عشيرة الذكور

AA	Aa	aa	Total
0.04	0.32	0.64	1.0

$P= 0.04 + ½ (0.32) = 0.2$ $q= 0.8$

وبالتالي فإن التوزيع الجاميطى (التكرار الجيني) هو: $(0.2A + 0.8a)$

وأن نسبة التراكيب الوراثية الخليطة هي $2pq = 2\ (0.2)(0.8) = 0.32$ وهذه القيمة تساوي نسبة 2pq في العشيرة الأصلية. ∴ العشيرة متزنة.

(ب) حساب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في عشيرة الإناث:

AA	Aa	aa	Total
0.16	0.48	0.36	1.0

$P = 0.4$ $q = 0.6$

∴ التوزيع الجاميطى هو $(0.4\ A + 0.6a)$

وقيمة نسبة الخليط المحسوبة هي: $2pq= 2(0.4)(0.6)=0.48$ وهذه القيمة تساوي نسبة الخليط في العشيرة الأصلية ومن ثم فالعشيرة متزنة.

(ج) حساب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في عشيرة النسل :

التكرار الجاميطي (التكرار الجيني)	عشيرة الذكور	
عشيرة الإناث	A p=0.2	a q= 0.8
A p= 0.4	AA 0.08	Aa 0.32
a q= 0.6	Aa 0.12	aa 0.48

أي أن تكرار التراكيب الوراثية (التوزيع الزيجوتي) في نسل الجيل الأول (F_1) يكون :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية	0.08	0.44	0.48	1.0

والتوزيع الجاميطي (التكرار الجيني) في نسل الجيل الأول يكون :

$$p = 0.08 + ½ (0.44) = 0.3$$

$$q = 0.7$$

وأن قيمة نسبة الخليط المحسوبة هي $2pq=2(0.3)(0.7)=0.42$

يلاحظ هنا أن عشيرة النسل الناتجة من تلقيح عشيرتين يختلف فيهما تكرار الجين يكون فيها التوزيع الزيجوتي ليس في حالة اتزان إذ أن نسبة الخليط المحسوبة وهى ٠,٤٢ لا تساوي قيمة 2pq في نسل الجيل الأول وهى ٠,٤٤ ولكن هذا الاتزان سيحدث في الجيل التالي مباشرة إذا كان التزاوج عشوائياً. ومن ثم فإن تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في الجيل الثاني (F_2) للنسل يمكن حسابه كالتالي :

الجاميطات والتكرار الجيني	عشيرة الإناث	
عشيرة الذكور	A P= 0.3	a q= 0.7
A P= 0.3	AA 0.09	Aa 0.21
a q= 0.7	Aa 0.21	aa 0.49

إذاً تكرار التراكيب الوراثية في الجيل الثاني للنسل (F_2) يكون :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية	0.09	0.42	0.49

والتكرار الجيني في الجيل الثاني للنسل (F_2) يصبح :

$$P= 0.09 + ½ (0.42) = 0.3$$

$$q = 0.7$$

وبما أن تكرار الجين للنسل في الجيل الثاني لم يتغير عن تكرار الجين للنسل في الجيل الأول بالتالي فإن عشيرة النسل وصلت إلى حالة الاتزان بعد جيل واحد من التزاوج العشوائي.

مثال محلول رقم (٢) : احسب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني المتوقع في الجيل الأول (F_1) والجيل الثاني (F_2) الناتج من تلقيح كل زوج من العشائر التالية:

أ) عشيرة الذكور الأولى : 150AA, 200aa

عشيرة الإناث الأولى : 120AA,180Aa,200aa

ب) عشيرة الذكور الثانية : 100AA, 200Aa, 190aa

عشيرة الإناث الثانية : 120AA, 180Aa, 200aa

ثم وضح هل F_1 ، F_2 في حالة اتزان أم لا ؟

الحل

سوف نقوم هنا بتناول عشيرة الذكور والإناث الأولى فقط (الحالة أ) وتترك الحالة (ب) للتمرين عليها.

أ) حساب تكرار الجين واختبار الاتزان في عشيرة الإناث الأولي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	**120**	**180**	**200**	**500**
تكرار التراكيب الوراثية	**0.24**	**0.36**	**0.40**	**1.0**

$$P = 0.24 + ½\ (0.36) = 0.42$$
$$q = 0.4 \quad + ½\ (0.36) = 0.58$$

ونسبة الخليط المحسوبة 2pq هي : $2pq= 2(0.42)(0.58) = 0.4872$

وحيث أن قيمة 2pq المحسوبة لا تساوي تكرار التركيب الوراثي الخليط لعشيرة الإناث الأصلية إذاً عشيرة الإناث الأولى غير متزنة.

ب) حساب تكرار الجين واختبار الاتزان في عشيرة الذكور الأولى :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	**150**	-	**200**	**350**
تكرار التراكيب الوراثية	**0.429**	-	**0.571**	**1.0**

$$P= 0.43 + \frac{1}{2} (0) = 0.43$$
$$q= 0.57 + \frac{1}{2} (0) = 0.57$$

ونسبة الخليط المحسوبة 2pq هي : $2pq= 2(0.43)(0.57)= 0.4902$

وبما أن قيمة نسبة الخليط المحسوبة 2pq لا تساوي تكرار التركيب الوراثي الخليط لعشيرة الذكور الأصلية، إذاً عشيرة الذكور الأولى غير متزنة.

جـ) حساب تكرار الجين واختبار الاتزان في عشيرة نسل الجيل الأول F_1 :

تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في نسل الجيل الأول يمكن حسابه كالآتي :

الجاميطات (التكرار الجيني)	عشيرة الإناث	
عشيرة الذكور	A P= 0.42	a q= 0.58
A P= 0.43	AA 0.181	Aa 0.249
a q= 0.57	Aa 0.239	aa 0.331

أي أن تكرار التراكيب الوراثية (التوزيع الزيجوتي) في نسل الجيل الأول (F_1) يكون :

AA	Aa	aa	Total
0.181	0.488	0.331	1.0

والتوزيع الجاميطى (التكرار الجيني) في نسل الجيل الأول يكون :

$$P= 0.181 + ½ (0.488) = 0.425$$
$$q = 0.331 + ½ (0.488) = 0.575$$

ونسبة الخليط هي $2pq = 2(0.425)(0.575) = 0.49$

وبما أن قيمة نسبة الخليط المحسوبة 2pq تساوي تكرار التركيب الوراثي الخليط في عشيرة النسل الأصلية، إذاً عشيرة النسل للجيل الأول F_1 تكون متزنة.

كذلك فإن تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في الجيل الثاني (F_2) للنسل يمكن حسابه كالتالي :

الجاميطات والتكرار الجيني	عشيرة الإناث	
عشيرة الذكور	A p= 0.425	a q= 0.575
A p= 0.425	AA 0.181	Aa 0.244
a q= 0.575	Aa 0.244	aa 0.331

إذاً تكرار التراكيب الوراثية في الجيل الثاني للنسل (F_2) يكون :

AA	Aa	aa
0.181	**0.488**	**0.331**

والتكرار الجيني في الجيل الثاني للنسل (F_2) يكون :

$$P= 0.181 + ½ (0.488) = 0.425$$
$$q = 0.331+ ½ (0.488)= 0.575$$

وبما أن تكرار الجين في الجيل الثاني لم يتغير عن تكرار الجين في الجيل الأول بالتالي فإن عشيرة النسل تصل إلى الاتزان في الجيل الثاني.

(٣, ٨) حساب تكرار الجين في النسل الناتج من التزاوج العشوائي في حالة السيادة التامة

تبين سابقا أنه عندما يكون التزاوج عشوائي بين أفراد العشيرة وعدم وجود السيادة (أي أن السلوك الوراثي للجين تجمعيا) يكون تكرار الجين كما هو موضح لاحقاً :

الآباء المتزاوجة	تكرار التزاوج	تكرار النسل الناتج		
		AA	**Aa**	**aa**
AA X AA	P^4	$p^4 =1$		
AA X Aa	$4p^3q$	$2p^2q = ½$	$2p^3q = ½$	
AA X aa	$2p^2q^2$		$2p^2q^2=1$	
Aa X Aa	$4p^2q^2$	$P^2q^2= ¼$	$2p^2q^2= ½$	$p^2q^2= ¼$
Aa X aa	$4pq^3$		$2pq^3= ½$	$2pq^3 = ½$
aa X aa	q^4			$.q^4 = 1$
المجموع	1.0	p^2	2pq	q^2

ولكن عندما يكون الجين المؤثر سائد سيادة تامة فإن تكرار النسل الناتج من التزاوج العشوائي يمكن توضيحه في الحالات الثلاثة التالية :

(١ ,٨ ,٣) تكرار النسل الناتج عند تزاوج الأفراد السائدة مع بعضها عشوائيا

Offspring frequencies when dominant parents are mated together

تزاوج الآباء السائدة المظهر	تكرار التزاوج	تكرار النسل الناتج	
		ذات المظهر السائد **Dominants**	ذات المظهر المتنحي **Recessives**
AA X AA	p^4	$P^4=1$	
AA X Aa	$4p^3q$	$4p^3q=1$	
Aa X Aa	$4p^2q^2$	$3p^2q^2= ¾$	$p^2q^2= ¼$
Total **المجموع**	$p^2(1+q)^2$	$p^2(1+2q)$	p^2q^2

• المجموع الكلي لتكرار التزاوج =

$$p^4 + 4p^3q + 4p^2q^2$$
$$= p^2(p^2 + 4pq + 4q^2) =$$
$$p^2[(1-q)^2 + 4q(1-q) + 4q^2] =$$
$$p^2[1 - 2q + q^2 + 4q - 4q^2 + 4q^2 =]$$
$$p^2(1 + 2q + q^2) = p^2(1+q)^2 \quad \text{............ (٣, ١٢)}$$

• مجموع تكرار النسل ذات المظهر السائد =

$$p^4 + 4p^3q + 3p^2q^2$$
$$= p^2(p^2 + 4pq + 3q^3)$$
$$= p^2(p^2 + 2pq + 2pq + q^2 + 2q^2)$$
$$= p^2[(p^2 + 2pq + q^2) + 2pq + 2q^2]$$
$$= p^2(1 + 2pq + 2q^2) = p^2(1 + 2q(1-q) + 2q^2)$$
$$= p^2(1 + 2q - 2q^2 + 2q^2) = p^2(1+2q) \quad \text{............ (٣, ١٣)}$$

• مجموع تكرار النسل ذات المظهر المتنحي = p^2q^2.

(٣, ٨, ٢) تكرار النسل الناتج عند تزاوج الأفراد السائدة عشوائيا مع الأفراد المتنحية

Offspring frequencies when dominant parents are mated with recessive ones

تزاوج الآباء سائد × متنحي	تكرار التزاوج	تكرار النسل الناتج	
		ذات المظهر السائد Dominants	ذات المظهر المتنحي Recessives
2 AA X aa	$2p^2q^2$	$2p^2q^2=1$	
2 Aa X aa	$4pq^3$	$2pq^3 = ½$	$2pq^3 = ½$
المجموع	$2pq^2(1+q)$	$2pq^2$	$2pq^3$

• المجموع الكلي لتكرار التزاوج هو

$$= 2p^2q^2 + 4pq^3$$
$$= 2pq^2(p + 2q)$$
$$= 2pq^2(p + q + q) =$$
$$2pq^2(1 + q) \quad \text{.................... } (٣ , ١٤)$$

• مجموع تكرار النسل ذات المظهر السائد هو

$$2p^2q^2 + 2pq^3 = 2pq^2(p + q) \quad \text{............ } (٣ , ١٥)$$
$$2pq^2$$

• مجموع تكرار النسل ذات المظهر المتنحي = $2pq^3$

(٣, ٨, ٣) تكرار النسل الناتج عند تزاوج أباء متنحية مع بعضها عشوائيا

عندما يسمح للآباء المتنحية أن تتزاوج معا يكون تكرار تزاوجها يساوي q^4 ، كما يكون تكرار النسل الناتج q^4.

ويمكن وضع الحالات الثلاث السابقة في الجدول رقم (٤ , ٣) ليبين تكرار النسل عندما يكون الجين سائد سيادة تامة والتزاوج عشوائيا.

الجدول رقم (٤ , ٣). تكرار التراكيب الوراثية في جيل الآباء وتكرار التراكيب الوراثية في جيل الأبناء (النسل) في حالة أن يكون أثر الجين سياديا والتزاوج عشوائيا.

تزاوج الآباء	تكرار التزاوج	تكرار النسل الناتج	
		ذات المظهر السائد Dominants	ذات المظهر المتنحي Recessives
سائد × سائد	$p^2(1+q)^2$	$p^2(1+2q)$	p^2q^2
سائد × متنحي	$2pq^2(1+q)$	$2pq^2$	$2pq^3$
متنحي × متنحي	q^4		q4
المجموع	1.0	$p^2 + 2pq$	q^2

• المجموع الكلي لتكرار التزاوج :

$$= \left[p^2(1+q)^2\right] + \left[2pq^2(1+q)\right] + q^4$$
$$= \left[(1-q)^2(1+q)^2\right] + \left[2pq^2 + 2pq^3\right] + q^4$$
$$= \left[1-2q^2+q^4\right] + \left[2pq^2 + 2pq^3\right] + q^4$$
$$= \left[1-2q^2+q^4\right] + \left[2q^2(1-q) + 2q^3(1-q)\right] + q^4$$
$$= 1-2q^2+q^4+2q^2-2q^3+2q^3-2q^4+q^4 \quad .... (٣, ١٦)$$
$$= 1.0$$

• مجموع تكرار النسل ذات المظهر السائد :

$$p^2(1+2q) + 2pq^2$$
$$= p^2 + 2p^2q + 2pq^2$$
$$= p^2 + 2pq(p+q) \quad .... (٣, ١٧)$$
$$= p^2 + 2pq$$

• مجموع تكرار النسل ذات المظهر المتنحي :

$$p^2q^2 + 2pq^3 + q^4$$
$$= q^2(p^2 + 2pq + q^2) \quad .... (٣, ١٨)$$
$$= q^2$$

مثال محلول : إذا فرض أن العشيرة التالية تتزاوج عشوائياً فما هو تكرار الجين في النسل الناتج إذا علمت أن أثر الجين سيادي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	30	60	10	100

الحل

تكرار الجين في حالة التزاوج العشوائي وأن يكون أثر الجين تجمعياً هو :

$P_A = 0.6$ $\quad$ $q_a = 0.4$

كما يكون نسبة النسل الناتج في هذه العشيرة كالتالي :

الآباء المتزاوجة	تكرار التزاوج	نسبة النسل الناتج		
		AA	Aa	aa
AA X AA	p^4	1		
AA X Aa	$4p^3q$	½	½	
AA X aa	$2p^2q^2$		1	
Aa X Aa	$4p^2q^2$	¼	½	¼
Aa X aa	$4pq^3$		½	½
aa X aa	q^4			1
Total	1.0			

وفي حالة التزاوج العشوائي وأن يكون أثر الجين سياديا فإن تكرار النسل في الجيل التالي يمكن الحصول عليه من خلال الاحتمالات الآتية :

أ) عند تزاوج فردين من هذه العشيرة عشوائياً، فاحتمال أن أول ثلاثة أفراد من نسل الجيل الناتج ستكون ذات تركيب وراثي AA هو:

$$P(3AA) = \frac{\left[(1)^3(p^4) + (\frac{1}{2})^3(4p^3q) + (\frac{1}{2})^3(4p^2q^2)\right]}{1.0}$$

$$= \frac{\left[(0.6)^4 + \frac{1}{8}(4)(0.6)^3(0.4) + \frac{1}{64}(4)(0.6)^2(0.4)^2\right]}{1.0} = 0.1764$$

أي أن من كل عشرة آلاف نسل نجد منهم ١٧٦٤ فردا ذات تركيب وراثي **AA**.

ب) عند تزاوج فردين من هذه العشيرة ، فاحتمال أن أول ثلاثة أفراد من النسل الناتج يكونون ذوي تركيب وراثي **Aa** هو :

$$P(3Aa) = \frac{\left[(\frac{1}{2})^3(4p^3q) + (1)^3(2p^2q^2) + (\frac{1}{2})^3(4p^2q^2) + (\frac{1}{2})^3(4pq^3)\right]}{1.0}$$

$$= \frac{\left[\frac{1}{8}(4)(0.6)^3(0.4) + 2(0.6)^2(0.4)^2 + \frac{1}{8}(4)(0.6)^2(0.4) + \frac{1}{8}(4)(0.6)(0.4)^3\right]}{1.0} = 0.1056$$

أي أن من كل عشرة آلاف فرد نجد منهم ١٠٥٦ فردا ذات تركيب وراثي **Aa**.

جـ) عند تزاوج فردين عشوائياً من هذه العشيرة، فاحتمال أن أول ثلاثة أفراد من النسل الناتج يكونون ذوي تركيب وراثي aa هو :

$$P(3aa) = \frac{\left[(\frac{1}{4})^3(4p^2q^2) + (\frac{1}{2})^3(4pq^3) + (1)^3(q^4)\right]}{1.0}$$

$$= \left[\frac{1}{64}(4)(0.6)^2(0.4)^2 + \frac{1}{8}(4)(0.6)(0.4)^3 + (0.4)^4\right] = 0.0484$$

أي أنه من كل عشرة آلاف فرد نجد منهم ٤٨٤ فردا ذات تركيب وراثي aa.

د) عند تزاوج فردين ذوي مظهر سائد من هذه العشيرة، فاحتمال أن أول ثلاثة أفراد من النسل الناتج يكونون ذوي تركيب وراثي سائد Dominant هو :

تزاوج الآباء السائدة	تكرار التزاوج	نسبة النسل الناتج	
		AA & Aa	aa
AA X AA	p^4	1	
AA X Aa	$4p^3q$	1	
Aa X Aa	$4p^2q^2$	¾	¼
Total	$P^2(1+q)^2$		

$$P(3AA \text{ or } Aa) = \frac{\left[(1)^3(p^4) + (1)^3(4p^3q) + (\frac{3}{4})^3(4p^2q^2)\right]}{p^2(1+q)^2}$$

$$= \frac{\left[(0.6)^4 + 4(0.6)^3(0.4) + \frac{27}{64}(4)(0.6)^2(0.4)^2\right]}{(0.6)^2(1+0.4)^2} = 0.8112$$

هـ) عند تزاوج فردين ذوي مظهر سائد من هذه العشيرة، فاحتمال أول ثلاثة أفراد من النسل الناتج ستكون ذا مظهر متنحي Recessive هو :

$$P(3aa) = \frac{\left[(\frac{1}{4})^3(4p^2q^2)\right]}{p^2(1+q)^2} = \frac{\left[\frac{1}{64}(4)(0.6)^2(0.4)^2\right]}{(0.6)^2(1+0.4)^2} = 0.0051$$

(٣, ٩) حساب تكرار الجين في حالة الأليلات الجسمية المتعددة ذات الأثر التجمعي
Gene Frequency in Case of Multiple Somatic Alleles

يمكن لأكثر من أليلين احتلال موقع كروموسومي واحد جسمي وتكون الأليلات في هذه الحالة من النوع المتعدد. وبالتالي يمكن حساب تكرار الجين في حالة ما إذا كان أثر الجين تجمعياً Additive effect مع غياب السيادة التامة بفرض أن هناك ثلاثة أليلات من النوع المتعدد ذي الأثر المضيف. أي أن كل أليل يظهر أثره بغض النظر عن أثر الأليل المقابل له في التركيب الوراثي نفسه، وبالتالي نتوقع ستة تراكيب وراثية في العشيرة. فإذا رمز للأليلات الجسمية الثلاثة بالرموز A_1 ، A_2 ، A_3 فتكون التراكيب الوراثية وأعدادها الفعلية هي :

التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_1A_3	A_2A_2	A_2A_3	A_3A_3	Total
عدد الأفراد الفعلية (المشاهدة)	n_1	n_2	n_3	n_4	n_5	n_6	N

وبالتالي يمكن حساب تكرار كل جين على النحو التالي :

تكرار الجين A_1 هو P :

$$p = [n_1 + ½ (n_2 + n_3)] / N \quad \text{.................. (٣, ١٩)}$$

تكرار الجين A_2 هو q :

$$q = [n_4 + ½ (n_2 + n_5)] / N \quad \text{.................. (٣, ٢٠)}$$

تكرار الجين A_3 هو r :

$$r = [n_6 + ½ (n_3 + n_5)] / N \quad \text{.................. (٣, ٢١)}$$

كما يكون تكرار التراكيب الوراثية كالتالي :

التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_1A_3	A_2A_2	A_2A_3	A_3A_3	Total
تكرارات التراكيب الوراثية	P^2	2pq	2pr	q^2	2qr	r^2	1.0

حيث إن : $p + q + r = 1$

ومن ثم إذا كان هناك أكثر من أليلين لجين معين فإن تكرار الجين في هذه الحالة سيكون منسوبا إلى مجموع الأليلات كلها.

مثال محلول : إذا كان للجين **A** ثلاثة أليلات هي $\mathbf{A_1}$ ، $\mathbf{A_2}$ ، $\mathbf{A_3}$ وهذه الأليلات ذات أثرا تجمعيا والمراد حساب تكرار الجين في المجموعة التالية من الحيوانات :

التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_1A_3	A_2A_2	A_2A_3	A_3A_3	Total
عدد الأفراد الفعلية (المشاهدة)	10	15	10	30	10	25	100

وبالتالي فإن تكرار كل جين يمكن حسابه كالتالي :

تكرار الجين A_1 هو P :

$$p_{(A1)} = [n_1 + ½ (n_2 + n_3)] / N = [10 + ½ (15) + ½ (10)] / 100 = 0.225$$

تكرار الجين A_2 هو q :

$$q_{(A2)} = [n_4 + ½ (n_2 + n_5)] / N = [30 + ½ (15) + ½ (10)] / 100 = 0.425$$

تكرار الجين A_3 هو r :

$$r_{(A3)} = [n_6 + ½ (n_3 + n_5)] / N = [25 + ½ (10) + ½ (10)] / 100 = 0.350$$

مجموع تكرار الجينات هو :

$$p + q + r = 0.225 + 0.425 + 0.350 = 1.0$$

ويمكن اختبار عشوائية التزاوج والاتزان بالعشيرة من خلال حساب تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة وكذلك عدد الأفراد المتوقعة في حالة الأليلات الجسمية المتعددة كما هو موضح في الجدول التالي :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد المشاهدة Observed (O)	تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة	عدد الأفراد المتوقعة Expected (E)	$\chi^2 = \frac{(O-E)^2}{E}$
A_1A_1	10	$P^2 = (0.225)^2 = 0.0506$	5.1	4.7
A_1A_2	15	$2pq = 2\ (0.225)\ (0.425) = 0.1912$	19.1	0.9
A_1A_3	10	$2pr = 2\ (0.225)\ (0.35) = 0.1575$	15.8	2.1
A_2A_2	30	$q^2 = (0.425)^2 = 0.1806$	18.1	7.8
A_2A_3	10	$2qr = 2\ (0.425)\ (0.35) = 0.2975$	29.8	13.1
A_3A_3	25	$r^2 = (0.35)^2 = 0.1225$	12.2	13.4
Total	100	1.0	100	$\chi^2 = 42.0$

حيث إن درجات الحرية = عدد التراكيب الوراثية - ٢ = ٦ -٢ = ٤

وبمقارنة قيمة χ^2 المحسوبة بقيمة χ^2 الجدولية وهي ٩,٤٩ نجد أن قيمة مربع كاي المحسوبة أكبر من الجدولية وبالتالي توجد فروق معنوية بين الأعداد المشاهدة والأعداد المتوقعة ومن ثم فإن العشيرة لا يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي. وحيث إن الأعداد المتوقعة لا تساوي الأعداد المشاهدة فالعشيرة إذاً غير متزنة.

تمرين للحل رقم (١) : في صفة مجاميع الدم في قطيع ما إذا فرض أن الموقع الجيني الواحد يتبادل فيه ثلاثة أليلات جسمية هي A_1 ، A_2 ، A_3 وهذه الأليلات ذات أثرا تجمعياً وقد تم حصر أعداد الحيوانات للتراكيب الوراثية طبقا لمجاميع الدم فوجدت كالتالي :

التراكيب الوراثية	A_1A_1 مجموعة الدم A	A_1A_2 مجموعة الدم AB	A_1A_3 مجموعة الدم A	A_2A_2 مجموعة الدم B	A_2A_3 مجموعة الدم B	A_3A_3 مجموعة الدم 0	Total
عدد الأفراد الفعلية	150	40	80	120	60	50	500

تكرار الجين A_1 هو p :

$$p_{(A1)} = [150+ ½ (40) ½ (80)]/ 500 = 0.42$$

تكرار الجين A_2 هو q :

$$q_{(A2)} = [120 + ½ (40)+ ½ (60)] / 500 = 0.34$$

تكرار الجين A_3 هو r :

$$r_{(A3)} = [50 + ½ (80) + ½ (60)] / 500 = 0.24$$

مجموع تكرار الجينات هو :

$$p + q + r = 0.42 + 0.34 + 0.24 = 1.0$$

وبالأسلوب نفسه الذي تم اتباعه في حل المثال السابق يمكن عمل التالي :

١- حساب تكرار التراكيب الوراثية المتوقع.

٢- حساب التكرار الجيني المتوقع.

٣- اختبار عشوائية التزاوج في العشيرة والاتزان بها.

تمرين للحل رقم (٢) : في صفة ما إذا فرض أن الموقع الجيني الواحد يتبادل فيه ثلاثة أليلات جسمية هي C ، c^h ، c^a وهذه الأليلات ذات أثر تجمعي وقد تم حصر أعداد الحيوانات في قطيع ما فوجدت كالتالي :

التراكيب الوراثية	CC	Cc^h	Cc^a	c^hc^h	c^hc^a	c^ac^a	Total
عدد الأفراد الفعلية (المشاهدة)	200	100	100	200	200	200	1000

والمطلوب :

١- حساب تكرار التراكيب الوراثية المتوقع.

٢- حساب التكرار الجيني المتوقع.

٣- اختبار عشوائية التزاوج في العشيرة والاتزان بها.

(٣, ١٠) حساب تكرار الجين في حالة زوجين من الجينات الجسمية وأثر الجين تجمعيا
Gene Frequency in Case of Two Pairs of Somatic Genes With Additive Effect

في صفة لعشيرة ما وجد أن هذه الصفة يتحكم فيها زوجين من الجينات الجسمية وكانت الأعداد للتراكيب الوراثية المختلفة كما يلي :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد
AABB	$n_1 = 576$
AABb	$n_2 = 288$
AAbb	$n_3 = 36$
AaBB	$n_4 = 768$
AaBb	$n_5 = 384$
Aabb	$n_6 = 48$
aaBB	$n_7 = 256$
aaBb	$n_8 = 128$
aabb	$n_9 = 16$
Total	N = 2500

ولحساب تكرار الجين في هذه الحالة لابد اتباع قانون وراثة زوجين من المورثات الذي يبين أن أزواج الجينات تنعزل كل منها مستقل عن الأخر. إذاً يجب أن توزع عدد الأفراد في هذه العشيرة مقابل كل تركيب وراثي داخل كل موقع ثم يحسب تكرار الجين لكل موقع على حدة وللموقعين معا وذلك على النحو التالي :

التراكيب الوراثية للموقع الثاني (-B)	التراكيب الوراثية للموقع الأول (-A)			Total
	AA	**Aa**	**aa**	
BB	576	768	256	1600
Bb	288	384	128	800
bb	36	48	16	100
Total	900	1200	400	2500

(١ , ١٠ ,٣) حساب تكرار الجين للموقع الأول (A-)

تكرار الجين A في الموقع الأول :

$$P_A = \frac{900 + 600}{2500} = 0.6$$

تكرار الجين a في الموقع الأول :

$$q_a = \frac{400 + 600}{2500} = 0.4$$

مجموع تكرار الجين للموقع الأول = $P_A + q_a = 0.6 + 0.4 = 1.0$

وعليه يكون تكرارات التراكيب الوراثية للموقع الأول (**A-**) هي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية	$P^2_A = 0.36$	$2p_Aq_a = 0.48$	$q^2_a = 0.16$	1.0

(٢ , ١٠ ,٣) حساب تكرار الجين للموقع الثاني (B-)

تكرار الجين B في الموقع الثاني :

$$P_B = \frac{1600 + 400}{2500} = 0.8$$

تكرار الجين **b** في الموقع الثاني :

$$q_b = \frac{100 + 400}{2500} = 0.2$$

مجموع تكرار الجين للموقع الثاني $P_B + q_b$ = ٨ , ٠+٢ , ٠ = ١ , ٠

ومن ثم تكون تكرارات التراكيب الوراثية للموقع الثاني (**B-**) هي :

التراكيب الوراثية	BB	Bb	bb	Total
تكرار التراكيب الوراثية	$p^2_B = 0.64$	$2p_Bq_b = 0.32$	$q^2_b = 0.04$	1.0

(٣, ١٠, ٣) اختبار حالة الاتزان في العشيرة لكل موقع على حدة

يمكن اختبار حالة الاتزان للموقع الأول (A-) بأحد الأسلوبين التاليين :

١- إذا كان عدد الأفراد ذات التركيب الوراثي الخليط **Aa**÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب عدد الأفراد ذات التركيب **AA** في عدد الأفراد ذات التركيب **aa** يساوي ٢ كانت العشيرة متزنة :

$$\frac{1200}{\sqrt{(900)(400)}} = \frac{1200}{600} = 2.0$$

٢- مربع الخليط = ٤ (التركيب الوراثي النقي AA) (التركيب الوراثي النقي aa)

(١٢٠٠)^٢= ٤ (٩٠٠)(٤٠٠)

١٤٤٠٠٠٠ = ١٤٤٠٠٠٠

إذاً العشيرة متزنة بالنسبة للموقع الأول (A-).

كذلك يمكن اختبار حالة الاتزان للموقع الثاني (B-) بأحد الأسلوبين التاليين :

١- إذا كان عدد الأفراد الخليطة Bb÷ الجذر التربيعي لحاصل ضرب عدد الأفراد ذات التركيب **AA** في عدد الأفراد ذات التركيب **bb** يساوي ٢ كانت العشيرة متزنة :

$$\frac{Bb}{\sqrt{(BB)(bb)}} = \frac{800}{\sqrt{(1600)(100)}} = \frac{800}{400} = 2.0$$

وحيث إن القيمة السابقة تساوي ٢ فالعشيرة إذاً متزنة بالنسبة للموقع الثاني (B-).

٢- مربع الخليط = ٤ (التركيب الوراثي النقي BB) (التركيب الوراثي النقي bb)

(٨٠٠)^٢= ٤ (١٦٠٠)(١٠٠)

٦٤٠٠٠٠ = ٦٤٠٠٠٠

إذاً العشيرة متزنة بالنسبة للموقع الثاني (B-).

(٤ ,١٠ ,٣) اختبار حالة الاتزان للموقعين معا في العشيرة

في هذه الحالة لابد من حساب تكرار التراكيب الوراثية المتوقع ومنه يمكن حساب عدد الأفراد المتوقع مقابل كل تركيب وراثي، ثم مقارنة الأعداد الفعلية للأفراد مع الأعداد المتوقعة لها ، فإذا تساوت الأعداد الفعلية مع الأعداد المتوقعة مقابل كل تركيب وراثي كانت العشيرة متزنة للموقعين معا ، وعكس ذلك تكون العشيرة غير متزنة. ويمكن إجراء ذلك على النحو التالي :

التراكيب الوراثية	عدد الأفراد المشاهدة **Observed number (O_n)**	تكرار التراكيب الوراثية المشاهدة **Observed frequency (O_f)**	تكرار التراكيب الوراثية المتوقع للموقعين معا **Expected frequency (E_f)**	عدد الأفراد المتوقع **E_n= (E_f)(N)**
AABB	576	0.2304	$p^2_A p^2_B$ =(0.36)(0.64)= 0.2304	576
AABb	288	0.1152	$2p^2_A p_B q_b$= 2(0.36)(0.8)(0.2)=0.1152	288
AAbb	36	0.0144	$p^2_A q^2_b$ =(0.36)(0.04)= 0.0144	36
AaBB	768	0.3072	$2p_A q_a p^2_B$=(0.48) (0.64) = 0.3072	768
AaBb	384	0.1536	$4p_A q_a p_B q_b$= (0.48)(0.32)= 0.1536	384
Aabb	48	0.0192	$2p_A q_a q^2_b$= (0.48)(0.04)= 0.0192	48
aaBB	256	0.1024	$q^2_a p^2_B$= (0.16)(0.64)= 0.1024	256
aaBb	128	0.0512	$2q^2_a p_B q_b$= 2(0.16)(0.16)= 0.0512	128
aabb	16	0.0064	$q^2_a q^2_b$= (0.16)(0.04)= 0.0064	16
Total	N= 2500	1.0	1.0	N= 2500

من الجدول السابق يتضح أن تكرار التراكيب الوراثية المشاهدة = تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة وكذلك عدد الأفراد المشاهد = عدد الأفراد المتوقع مقابل كل تركيب وراثي، إذاً العشيرة في حالة اتزان للموقعين معا (A-) ، (B-).

تمرين للحل : في صفة لعشيرة ما وجد أن هذه الصفة يتحكم فيها زوجان من الجينات الجسمية وكانت الأعداد للتراكيب الوراثية المختلفة مقابل كل تركيب وراثي داخل كل موقع كما يلي :

التراكيب الوراثية للموقع الثاني (-B)	التراكيب الوراثية للموقع الأول (-A)			Total
	AA	Aa	aa	
BB	200	250	120	570
Bb	130	150	60	340
bb	20	55	15	90
Total	350	455	195	1000

احسب تكرار الجين لكل موقع على حدة مع اختبار الاتزان في العشيرة لكل موقع على حدة. ثم اختبر الاتزان للموقعين معاً باستخدام اختبار مربع كاي.

الفصل الرابع

التوصيف الوراثي للعشيرة الحيوانية والداجنة التي تحكمها الجينات المرتبطة بالجنس

(١ ,٤) حساب تكرار الجين للجينات المرتبطة بالجنس ذات الأثر التجمعي في العشائر الحيوانية التي تتزاوج عشوائيا

في حالة الجينات المرتبطة بالجنس Sex-linked genes فإن العلاقة بين تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية في الجنس متماثل الجاميطات تكون هي العلاقة نفسها في حالة الجينات الجسمية Autosomal genes، أي يكون هناك ثلاثة تراكيب وراثية هي A_1A_1 ، A_1A_2 ، A_2A_2 بتكرار P^2 ، $2Pq$، q^2 على التوالي، أما في الجنس غير متماثل الجاميطات فيمتلك تركيبين وراثيين فقط هما A_1 ، A_2 بتكرار P ، q على التوالي. أي أن كل تركيب وراثي يحمل الجين المرتبط بالجنس بحالة فردية بعكس الجنس متماثل الجاميطات فتراكيبه الوراثية تحمل الجين بحالة زوجية. ولذلك فإن ثلثي الجينات المرتبطة بالجنس يحملها الجنس متماثل الجاميطات (أي الإناث) وثلث هذه الجينات في العشيرة يحملها الجنس غير متماثل الجاميطات (أي الذكور). ويمكن حساب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في حالة الجينات المرتبطة بالجنس في الحيوانات الزراعية معتمدة علي الأسس الوراثية الموضحة في الجدول رقم (١ ,٤) مع افتراض أن بالعشيرة الأليلين A_1 ، A_2 كجينات مرتبطة بالجنس.

جدول رقم (١ , ٤). الأسس الوراثية لحساب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في حالة الجينات المرتبطة بالجنس في الحيوانات الزراعية التي تتزاوج عشوائيا.

الجنس	الذكور هي الجنس غير متماثل الجاميطات	الإناث هي الجنس متماثل الجاميطات
كروموسوم الآباء الجنسي	XY (الكروموسوم الجنسي بحالة فردية من X)	XX (الكروموسوم الجنسي بحالة زوجية من X)
الجاميطات	X Y	X
تكرار الجين	p q	P q
التراكيب الوراثية وتكرارها	تر كبين وراثيين هما : A_1Y A_2Y p q وكل تركيب يحمل الجين المرتبط بالجنس بحالة فردية	ثلاث تراكيب وراثية هي: A_1A_1 A_1A_2 A_2A_2 p^2 $2pq$ q^2 وكل تركيب يحمل الجين المرتبط بالجنس بحالة زوجية

ولتوضيح ذلك يفترض أن هناك عشيرة من الحيوانات الزراعية كالماشية مثلاً كما يفترض أن في العشيرة الأليلين A_1 ، A_2 كجينات مرتبطة بالجنس فيكون تكرار هذه الجينات في الإناث هو P_f للجين A_1 ، q_f للجين A_2، وفي الذكور p_m للجين A_2 ، q_m للجين A_2. ومن هذا الأساس يكون تكرار التراكيب الوراثية في كل من الذكور والإناث في الجيل الأساسي للعشيرة Base population كلها كالتالي :

الجنس	الإناث				الذكور		
التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Total	A_1Y	A_2Y	**Total**
تكرارات التراكيب الوراثية	p^2_{fo}	$2p_{fo}q_{fo}$	q^2_{fo}	1.0	p_{mo}	q_{mo}	1.0

ويمكن تلخيص حساب تكرار الجين في حالة الجينات المرتبطة بالجنس في الحيوانات الزراعية التي تتزاوج عشوائيا على النحو التالي :

(٤,١,١) تكرار الجين المرتبط بالجنس في العشيرة الأصلية Base Population

أ) تكرار الجين في الذكور

تكرار الجين A_1 هو :

$P_{mo(A1)}$ .... (١)

تكرار الجين A_2 هو :

$q_{mo(A2)}$ .... (٢)

حيث : $P_{mo} + q_{mo} = 1$

ب) تكرار الجين في الإناث

تكرار الجين A_1 هو :

$P_{fo(A1)}$ .... (٣)

تكرار الجين A_2 هو :

$q_{fo(A2)}$ .... (٤)

حيث : $P_{fo} + q_{fo} = 1$

جـ) تكرار الجين في العشيرة كلها

تكرار الجين بالعشيرة كلها هنا يعتمد على قاعدة أن ثلثي وحدات الجين A_1 تكون في الإناث، وثلث وحدات هذا الجين تكون في الذكور وكذلك بالنسبة الجين A_2. وبالتالي فإن :

تكرار الجين A_1 في العشيرة كلها يكون :

$p_{o(A1)} = 2/3[p_{fo(A1)}] + 1/3[p_{mo(A1)}]$ .... (٤ , ١)

وتكرار الجين A_2 في العشيرة كلها يكون :

$q_{o(A2)} = 2/3[q_{fo(A2)}] + 1/3[q_{mo(A2)}]$ .... (٤ , ٢)

حيث : $P_{o(A1)} + q_{o(A2)} = 1$

ويكون الفرق بين تكرار الجين A_1 في الإناث عنه في الذكور هو :

$$P_{fo(A1)} - P_{mo(A1)} = (3) - (1)$$

ويكون الفرق بين تكرار الجين A_2 في الإناث عنه في الذكور هو :

$$q_{fo(A2)} - q_{mo(A2)} = (4) - (2)$$

(٤,١,٢) تكرار الجين المرتبط بالجنس في الجيل الأول F_1

بما أن تكرار الجين في الذكور مختلف عنه في الإناث فإن العشيرة تصبح في حالة عدم إتزان. هذا مع ملاحظة أن تكرار الجين في العشيرة كلها لا يتغير من جيل إلى آخر عند التزاوج العشوائي، ولكن تكرار هذا الجين يتأرجح أو يتذبذب بين الزيادة والنقصان في الذكور أو الإناث جيلا بعد آخر وذلك كلما اقتربت العشيرة من نقطة الاتزان. والسبب في ذلك أن الذكور تأخذ الجين المرتبط بالجنس من امهاتها ولذلك يكون تكرار الجين في الذكور في الجيل التالي P_{m1} مساويا لتكرار هذا الجين في امهاتها (الإناث) في الجيل السابق P_{fo}. ويمكن توضيح ذلك في حالة تحديد الجنس في الحيوانات الزراعية كما يلي :

أ) تكرار الجين في ذكور الجيل الأول

هنا يحسب تكرار الجين في الذكور على أساس أنه يساوي تكرار الجين في الأمهات للجيل للسابق :

تكرار الجين A_1 هو :

$$P_{m1(A1)} = P_{fo(A1)} \quad .... (٥)$$

تكرار الجين A_2 هو :

$$q_{m1(A2)} = q_{fo(A2)} \quad .... (٦)$$

وبعد عدد من الأجيال (n) من التزاوج العشوائي يكون تكرار الجين في الذكور هو :

$$P_{m(n)} = P_{f(n-1)}$$
$$q_{m(n)} = q_{f(n-1)}$$

ب) تكرار الجين في إناث الجيل الأول

يمكن حساب تكرار الجين في الإناث في الجيل التالي على أساس أن الإناث تحصل على الجينات المرتبطة بالجنس من آبائها (الذكور والإناث) بالتساوي، ولذلك فإن تكرار الجين في الإناث في الجيل التالي يحسب علي أساس أنه متوسط مجموع تكرار هذا الجين في كل من الذكور والإناث في الجيل السابـق، أي أن:

تكرار الجين A_1 هو :

$$P_{f1(A1)} = \frac{1}{2} [P_{mo(A1)} + P_{fo(A1)}] \quad \text{(٧)}$$

تكرار الجين A_2 هو:

$$q_{f1(A2)} = \frac{1}{2} [q_{mo(A2)} + q_{fo(A2)}] \quad \text{(٨)}$$

جـ) تكرار الجين للجيل الأول في العشيرة كلها ذكورا وإناثا

تكرار الجين A_1 هو P_1 :

$$p_{1(A1)} = 2/3[p_{f1(A1)}] + 1/3[p_{m1(A1)}]$$

تكرار الجين A_2 هو q_1 :

$$q_{1(A2)} = 2/3[q_{f1(A2)}] + 1/3[q_{m1(A2)}]$$

حيث إن: $P_{1(A1)} + q_{1(A2)} = 1.0$

ويكون الفرق في تكرار الجين A_1 في الإناث عنه في الذكور في الجيل الأول :

$$P_{f1(A1)} - P_{m1(A1)} = (7) - (5)$$

والفرق في تكرار الجين A_2 في الإناث عنه في الذكور في الجيل الأول :

$$q_{f1(A2)} - q_{m1(A2)} = (8) - (6)$$

ومن ثم يكون الفرق بين تكرار الجين A_1 في الإناث وتكراره في الذكور في الجيل التالي هو :

$$\begin{aligned} P_{f1} - P_{m1} &= \frac{1}{2} (P_{fo} + P_{mo}) - P_{fo} \\ &= \frac{1}{2} P_{fo} + \frac{1}{2} P_{mo} - P_{fo} \\ &= -\frac{1}{2}(P_{fo} - P_{mo}) \end{aligned}$$

ويلاحظ هنا أن الفرق بين تكرار الجين في الذكور والإناث في الجيل التالي يساوي نصف الفرق بين تكرار الجين في الذكور والإناث في الجيل السابق له مباشرة [$½(P_m - P_f)$]، كما يكون الفرق في الاتجاه المعاكس . لذلك يكون تكرار الجينات المرتبطة بالجنس متأرجحاً ومتذبذباً بين الذكور والإناث، ففي جيل ما يزداد تكرار الجين المرتبط بالجنس في الذكور بينما يتناقص تكرار هذا الجين في الإناث، وفي الجيل التالي يحدث العكس بتناقص تكرار الجين في الذكور بينما يتزايد تكراره في الإناث، مع ملاحظة أن الفرق بين تكرار الجين في كل من الذكور والإناث يتناصف جيلاً بعد آخر، ولذلك تصل العشيرة سريعاً إلى حالة الاتزان عندما يتساوى تكرار الجين في كل من الذكور والإناث.

(٤,١,٣) مثال محلول لحساب التكرار الجيني للجينات المرتبطة بالجنس في العشائر الحيوانية

نفرض أن هناك صفة ما تعتمد على زوج واحد من الجينات المرتبطة بالجنس ذات الأثر التجمعي في عشيرة من الحيوانات تتزاوج عشوائياً، وأن عدد الذكور والإناث مقابل كل تركيب وراثي كان كالتالي :

الجنس	الإناث				الذكور		
التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Total	A_1Y	A_2Y	Total
عدد الأفراد	280	60	10	350	211	89	300
تكرارات التراكيب الوراثية	p^2_{Fo}	$2p_{fo}q_{fo}$	q^2_{fo}	1.0	p_{mo}	q_{mo}	1.0

(٤,١,٣,١) حساب تكرار الجين في العشيرة الأصلية (العشيرة الأساسية Base population)

أ) تكرار الجين في ذكور العشيرة الأصلية

هو عبارة عن نسبة أفراد كل تركيب وراثي إلى مجموع الذكور. أي أن :

تكرار الجين A_1 هو P_{mo} :

$p_{mo(A1)} = 211/300 = 0.703$ ....(١)

تكرار الجين A_2 هو q_{mo}:

$q_{mo(A2)} = 89/300 = 0.297$ ....(٢)

حيث إن : $P_{mo(A1)} + q_{mo(A2)} = 0.703 + 0.297 = 1.0$

ب) تكرار الجين في إناث العشيرة الأصلية

يحسب بالطريقة المستخدمة نفسها في حساب تكرار الجين في حالة الجينات الجسمية Autosomal genes، وذلك لأن الإناث هي الجنس متماثل الجاميطات، أي أن الجين يوجد بحالة زوجية وبالتالي فإن :

تكرار الجين A_1 هو P_{fo} :

$$p_{fo(A1)} = [280 + ½(60)] / 350 = 0.886 \quad \text{......................(٣)}$$

تكرار الجين A_2 هو q_{fo} :

$$q_{fo(A2)} = [10 + ½(60)] / 350 = 0.114 \quad \text{......................(٤)}$$

حيث إن :

$$P_{fo(A1)} + q_{fo(A2)} = 0.886 + 0.114 = 1.0$$

جـ) تكرار الجين في العشيرة الأصلية كلها

تكرار الجين A_1 هو P_o:

$$p_{o(A1)} = 2/3[p_{fo(A1)}] + 1/3[p_{mo(A1)}]$$
$$= 2/3[0.886] + 1/3[0.703] = 0.825$$

وتكرار الجين A_2 هو q_o:

$$q_{o(A2)} = 2/3[q_{fo(A2)}] + 1/3[q_{mo(A2)}]$$
$$= 2/3[0.114] + 1/3[0.297] = 0.175$$

حيث أن :

$$P_{1(A1)} + q_{1(A2)} = 0.825 + 0.175 = 1.0$$

ويكون الفرق بين تكرار الجين A_1 في الإناث عنه في الذكور في الجيل الأساسي هو :

$$P_{fo(A1)} - P_{mo(A1)} = (3) - (1)$$
$$= 0.886 - 0.703 = 0.183$$

وكذلك الفرق بين تكرار الجين A_2 في الإناث عنه في الذكور في الجيل الأساسي هو :

$$q_{fo(A2)} - q_{mo(A2)} = (4) - (2)$$
$$= 0.114 - 0.297 = - 0.183$$

(٢, ٣, ١, ٤) تكرار الجين في الجيل الأول F_1

أ) تكرار الجين في ذكور الجيل الأول

تكرار الجين A_1 في ذكور F_1 والذي يرمز له بالرمز P_{m1} يكون مساويا لتكرار هذا الجين في جيل الإناث السابق في العشيرة الأصلية (P_{fo}) ، أي أن :

$$P_{m1(A1)} = P_{fo(A1)} = 0.886 \quad \text{.........................(٥)}$$

كما يكون تكرار الجين A_2 في الذكور والذي يرمز له بالرمز q_{m1} مساويا لتكرار هذا الجين في جيل الإناث السابق(q_{fo})، أي أن :

$$q_{m1(A2)} = q_{\ fo(A2)} = 0.114 \quad \text{.........................(٦)}$$

ب) تكرار الجين في إناث الجيل الأول

تكرار الجين A_1 في إناث F_1 والذي يرمز له بالرمز P_{f1} هو عبارة عن متوسط مجموع تكرار هذا الجين في كل من الذكور والإناث في الجيل السابق له. أي أن :

$$p_{f1(A1)} = ½[p_{mo(A1)} + p_{fo(A1)}]$$

$$= ½\ [0.703 + 0.886] = 0.795 \quad \text{.......................(٧)}$$

وكذلك تكرار الجين A_2 في إناث الجيل الأول والذي يرمز له بالرمز q_{f1} يكون :

$$q_{f1(A2)} = ½[q_{mo(A2)} + q_{fo(A2)}]$$

$$= ½\ [0.297 + 0.114] = 0.205 \quad \text{.......................(٨)}$$

جـ) تكرار الجين في عشيرة الجيل الأول كلها

تكرار الجين A_1 هو P_1 :

$$p_{1(A1)} = 2/3[p_{f1(A1)}] + 1/3[p_{m1(A1)}]$$
$$= 2/3[0.795] + 1/3[0.886] = 0.825$$

تكرار الجين A_2 هو q_1 :

$$q_{1(A2)} = 2/3[q_{f1(A2)}] + 1/3[q_{m1(A2)}]$$
$$= 2/3[0.205] + 1/3[0.114] = 0.175$$

حيث إن :

$$P_{o(A1)} + q_{o(A2)} = 0.825 + 0.175 = 1.0$$

ويكون الفرق في تكرار الجين A_1 في الإناث عنه في الذكور في الجيل الأول هو :

$$P_{f1(A1)} - P_{m1(A1)} = (7) - (5)$$
$$= 0.795 - 0.886 = -0.091$$

ويكون هذا الفرق عبارة عن نصف الفرق في الجيل السابق مع اختلاف الإشارة. كذلك يكون الفرق في تكرار الجين A_2 في الإناث عنه في الذكور في الجيل الأول هو :

$$q_{f1(A2)} - q_{m1(A2)} = (8) - (6)$$
$$= 0.205 - 0.114 = 0.091$$

ويكون هذا الفرق عبارة عن نصف الفرق في الجيل السابق مع اختلاف الإشارة.

مما سبق يلاحظ الآتي :

١- أن تكرار الجين في العشيرة كلها لم يتغير من جيل إلى آخر ولكنه يختلف في التكرار بين الذكور والإناث. هذا مع العلم بأن هذا يحدث في حالة ما إذا كانت العشيرة غير متزنة.

٢- أن الفرق في تكرار الجين بين الذكور والإناث يتناصف مع اختلاف الإشارة من جيل إلى آخر، ويظل هكذا متذبذبا بين الارتفاع والانخفاض في كل جنس من جيل إلى آخر حتى يتساوى تكرار الجين في كلا الجنسين وبالتالي تصل العشيرة إلى حالة الاتزان.

تمرين للحل : في عشيرة من الخنازير كانت صفة سيولة الدم يحكم وراثتها زوج واحد من الجينات المرتبطة بالجنس هو H، h ذات الأثر التجمعي وأن عدد الذكور والإناث مقابل كل تركيب وراثي في هذه العشيرة كان كالتالي :

الجنس	**الإناث**				**الذكور**		
التراكيب الوراثية	HH	Hh	hh	Total	HY	hY	Total
عدد الأفراد	140	40	20	200	70	30	100

والمطلوب :

١- حساب تكرار الجين في العشيرة الأصلية (للذكور - للإناث - للعشيرة كلها).

٢- حساب تكرار الجين في عشيرة الجيل الأول (للذكور - للإناث - للعشيرة كلها).

٣- اختبار الاتزان للإناث في العشيرة الأصلية وعشيرة الجيل الأول باستخدام مربع كاي.

ثم علق على نتائجك وراثيا سواء في العشيرة الأصلية أو في عشيرة الجيل الأول.

(٢, ٤) حساب تكرار الجين للجينات المرتبطة بالجنس ذات الأثر التجمعي في العشائر الداجنة التي تتزاوج عشوائيا

بافتراض أن في العشيرة الأليلينA_1، A_2 كجينات مرتبطة بالجنس فإنه يمكن حساب تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية للجينات المرتبطة بالجنس في الطيور معتمدة على الأسس الوراثية الموضحة في الجدول رقم (٢ , ٤) مع افتراض أن بالعشيرة الأليلين A_1، A_2 كجينات مرتبطة بالجنس وهي معاكسة لما لوحظ في الثدييات.

الجدول رقم (٢, ٤). الأسس الوراثية لحساب تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في حالة الجينات المرتبطة بالجنس في العشائر الداجنة التي تتزاوج عشوائيا.

الجنس	إناث (الأنثى هي الجنس غير متماثل الجاميطات)	ذكور (الذكر هو الجنس متماثل الجاميطات)
كروموسوم الآباء الجنسي	ZW (الكروموسوم الجنسي بحالة فردية من Z)	ZZ (الكروموسوم الجنسي بحالة زوجية من Z)
الجاميطات	Z W	Z
تكرار الجين	p q	p q
التراكيب الوراثية وتكرارها	تركيبين وراثيين هما: A_1W A_2W P q وكل تركيب يحمل الجين المرتبط بالجنس بحالة فردية	ثلاثة تراكيب وراثية هي: A_1A_1 A_1A_2 A_2A_2 P^2 2pq q^2 وكل تركيب يحمل الجين المرتبط بالجنس بحالة زوجية

ومن هنا فإن تكرارات التراكيب الوراثية في ذكور وإناث الطيور في الجيل الأساسي للعشيرة كلها تصبح :

الجنس	الذكور				الإناث		
التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Total	A_1W	A_2W	Total
تكرارات التراكيب الوراثية	p^2_{mo}	$2p_{mo}q_{mo}$	q^2_{mo}	1.0	p_{fo}	q_{fo}	1.0

ويكون تكرار الجين A_1 في الإناث هو P_{fo} وتكرار الجين A_1 في الذكور هو P_{mo} ، وبما أن في عشيرة الطيور كلها يكون ثلثا وحدات الجينA_1 في الذكور والثلث الآخر من وحدات هذا الجين في الإناث. وعليه فإن :

تكرار الجين A_1 في العشيرة كلها هو :

$p_{o(A1)} = 2/3[p_{mo(A1)}] + 1/3[p_{fo(A1)}]$ ....(٤ ,٣)

وتكرار الجين A_2 في العشيرة كلها يكون :

$q_{o(A2)} = 2/3[q_{mo(A2)}] + 1/3[q_{fo(A2)}]$ ....(٤ ,٤)

ويمكن تلخيص حساب تكرار الجين في حالة الجينات المرتبطة بالجنس في الطيور التي تتزاوج عشوائيا على النحو التالي :

(٤, ٢, ١) تكرار الجين المرتبط بالجنس في العشيرة الأصلية Base population

أ) في ذكور العشيرة الأصلية

تكرار الجين A_1 هو :

$P_{mo(A1)}$ ....(١)

تكرار الجين A_2 هو :

$q_{mo(A2)}$ ....(٢)

ب) في إناث العشيرة الأصلية

تكرار الجين A_1 هو :

$P_{fo(A1)}$ ....(٣)

تكرار الجين A_2 هو :

$q_{fo(A2)}$ .... (٤)

جـ) تكرار الجين في العشيرة الأصلية كلها

تكرار الجين A_1 هو P_o :

$$P_{o(A1)} = 2/3[P_{mo(A1)}] + 1/3[P_{fo(A1)}]$$

تكرار الجين A_2 هو q_o :

$$q_{o(A2)} = 2/3[q_{mo(A2)}] + 1/3[q_{fo(A2)}]$$

(٤,٢,٢) تكرار الجين المرتبط بالجنس في الجيل الأول F_1

أ) تكرار الجين في إناث الجيل الأول

من منطلق أن الإناث في الدواجن تأخذ الجين المرتبط بالجنس من آبائها لذلك يحسب تكرار الجين هنا علي أساس أن تكرار الجين في الإناث يساوي تكرار الجين في الآباء للجيل السابق :

تكرار الجين A_1 هو :

$P_{f1(A1)} = P_{mo(A1)}$ .... (٥)

تكرار الجين A_2 هو :

$q_{f1(A2)} = q_{mo(A2)}$ .... (٦)

ب) تكرار الجين في ذكور الجيل الأول

يحسب تكرار الجين هنا علي أساس أنه متوسط مجموع تكرار الجين في كل من الذكور والبنات للجيل السابق.

تكرار الجين A_1 هو :

$P_{m1(A1)} = ½ \{P_{mo(A1)} + P_{fo(A1)}\}$ .... (٧)

تكرار الجين A_2 هو :

$q_{m1(A2)} = ½ \{q_{mo(A2)} + q_{fo(A2)}\}$ .... (٨)

جـ) تكرار الجين في عشيرة الجيل الأول كلها

تكرار الجين A_1 هو :

$$P_{1(A1)} = 2/3\ P_{m1(A1)} + 1/3\ P_{f1(A1)}$$

تكرار الجين A_2 هو :

$$q_{1(A2)} = 2/3\ q_{m1(A2)} + 1/3\ q_{f1(A2)}$$

(٣, ٢, ٤) تمرين لحساب التكرار الجيني للجينات المرتبطة بالجنس في العشائر الداجنة

في عشيرة من الدجاج تتزاوج عشوائياً كانت صفة تخطيط الريش يحكم وراثتها زوج واحد من الجينات المرتبطة بالجنس ذات الأثر التجمعي والذي يرمز له بالرمزB، b وأن عدد الذكور والإناث مقابل كل تركيب وراثي في هذه العشيرة كان كالتالي :

الجنس	الذكور				الإناث		
التراكيب الوراثية	BB	Bb	.bb	Total	BW	bW	Total
عدد الأفراد	40	30	30	100	400	100	500

والمطلوب :

١- حساب تكرار الجين في العشيرة الأصلية (للذكور - للإناث - للعشيرة كلها).

٢- حساب تكرار الجين في عشيرة الجيل الأول (للذكور - للإناث - للعشيرة كلها).

٣- اختبار الاتزان للذكور في العشيرة الأصلية وعشيرة الجيل الأول.

ثم علق على نتائجك وراثيا سواء في العشيرة الأصلية أو في عشيرة الجيل الأول.

الفصل الخامس

العوامل المؤثرة في تكرار الجين بالعشيرة التي تحكمها الجينات الجسمية

بعد معرفة كيفية حساب تكرار الجين ومعرفة أهميته في توصيف العشيرة وراثيا سوف ننتقل هنا إلى العوامل أو بصورة أخرى القوى التي تغير من تكرار الجين Factors (Forces) affecting gene frequency حيث إن هذه العوامل تؤثر على تكرار الجين بمقدار غير ثابت يتغير من وقت إلى آخر. وهناك نوعان من العوامل التي تؤثر على تكرار الجين في العشيرة هما :

١ - العوامل المشتتة Dispersed factors المؤثرة في تكرار الجين

العوامل المشتتة هي عوامل تغير من تكرار الجين في العشائر صغيرة العدد وذلك نتيجة صغر حجم العشيرة الأصلية المأخوذ منها هذه العشيرة الصغيرة. وهذه العوامل يمكن قياس درجة تغيرها لتكرار الجين ولكن لا يمكن التنبؤ بالاتجاه الذي سوف تغيره. أي أنها تشتت قيمة تكرار الجين سواء بالزيادة أو بالنقص، والمصادفة Chance من أمثلة هذه العوامل والتي تسمى أحيانا بالجنوح العشوائي Random drift.

٢- العوامل المنتظمة Systematic factors المؤثرة في تكرار الجين

العوامل المنتظمة هي عوامل تغير من تكرار الجين بطريقة يمكن حساب كميتها واتجاهها ويمكن معرفة تكرار الجين نتيجة تدخل هذه العوامل. وتشتمل هذه العوامل على ثلاثة عوامل هامة هي :

أ) الطفرة Mutation. ب) الهجرة Migration. جـ) الانتخاب Selection.

ونظراً لأهمية هذه العوامل فمن الضروري تفصيل كل من هذه العوامل على مقدار التغير في تكرار الجين في العشيرة.

(١ ,٥) العوامل المشتتة المؤثرة علي تكرار الجين (المصادفة Chance)

(١ ,١ ,٥) مضمون المصادفة وآثارها

تسمى المصادفة أحيانا بالجنوح العشوائيRandom drift والتغير الذي يحدث في تكرار الجين بسبب المصادفة يحدث عند تكوين جاميطات الجيل التالي. ومن المعروف أنه في العشائر كبيرة العدد يكون للمصادفة تأثير ضعيف في أن تحدث تغيراً في تكرار الجين، إذ أن تكرار حدوث المصادفة في اتجاه جين معين يماثل تكرار حدوث المصادفة في اتجاه الأليل المقابل لهذا الجين، وبالتالي فإن المحصلة النهائية لحدوث المصادفة في كلا الاتجاهين يساوي صفرا.

أما في العشائر الصغيرة أو محدودة العدد فإن معدل حدوث المصادفة عند تكوين جاميطات الجيل الثاني يكون ذا تأثير قوي في إحداث تغير ملحوظ وملموس في تكرار الجين. واعتمادا على ذلك فقد أشار جلال وكرم ٢٠٠٣م في كتابهما إلى النقاط التالية :

١ – أن للصدفة تأثير ضعيف وغير ملحوظ في إحداث تغير في تكرار الجين في العشائر الكبيرة.

٢– للمصادفة تأثير قوي في إحداث تغير كبير في نسب الجاميطات المتكونة في العشائر الصغيرة وبالتالي يحدث تغير ملحوظ في تكرار الجين. فإذا كانت المصادفة لصالح الجين (A) فإنه يمكن أن يرتفع تكرار الجين (A) على حساب الجين (a)، أما إذا كانت المصادفة لصالح الجين (a) فيرتفع تكرار الجين (a) على حساب تكرار الجين (A). ويطلق على هذه الحالة مصطلح الانحراف الوراثي أو الجنوح الوراثي Genetic drift.

٣- في حالة القطعان صغيرة العدد والتي تظهر فيها التربية الداخلية نتيجة صغر حجم القطيع فإن نسبة التراكيب الوراثية الخليطة تنخفض وفي الوقت نفسه ترتفع نسبة التراكيب الوراثية النقية، ولذا فإن مثل هذه القطعان تتعرض لظاهرة الجنوح الوراثي وتساهم المصادفة بقدر كبير على إحداث تغير في تكرار الجين.

والدور الذي تلعبه المصادفة ناتج من عملية الانعزال Segregation واتحاد الجاميطات ببعضها لتكوين الزيجوت. فمثلاً الحيوان الذي به Aa قد يعطي لابنهA أو a بمحض المصادفة وعلى ذلك سيسبب اختلافا في تكرار الجين ... وهكذا. وتلعب المصادفة دورها عند تكوين كل جيل وهكذا على مدى الأجيال قد يصل تكرار الجين إلى تكرار جينى جديد يختلف عن الأصلي، أي يحدث ما يسمى بالجنوح العشوائي. ويمكن أن يظل تكرار الجين متغيراً بالمصادفة إلى أن يثبت ويصبح متجانسا في كل المجموعة وتكون كلها AA أو aa وبذلك لا تجد الفرصة مجالاً لها لتغيير تكرار الجين. ولكن طالما كان هناك أفراد خليطة Heterozygous فالمجال موجود في عملية الانعزال واتحاد الجاميطات لكي تلعب المصادفة دورها. والمعروف أيضاً أنه كلما زاد عدد أفراد العشيرة قلت الفرصة أمام المصادفة لتلعب دورها. ولذلك كان العدد الفعلي للحيوانات N_o هو أهم العوامل المحددة لمدى الدور الذي تلعبه المصادفة في تغيير تكرار الجين. ويجب أن نذكر هنا أنه توجد عوامل كثيرة تجعل N الموجودة بالمعادلة هي غيرها الموجودة في الواقع N_o .

وقد ورد عن Wright (Wright, 1969) معادلة يمكن منها حساب العدد المعادلي الذي من خلاله تلعب المصادفة دوراً في تغيير تكرار الجين وذلك من الأعداد الفعلية للذكور (N_m)، والإناث (N_f) :

$$N = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f} \quad \text{.......................} \quad (٥,١)$$

حيث N تمثل العدد المعادلي الذي يحدد المدى الذي تلعبه المصادفة في تغيير تكرار الجين.

أي أنه إذا وجد ١٠٠٠ بقرة وعشرون طلوقة فإن العدد المعادل N الذي يحدد المدى التي تلعبه المصادفة في تغيير تكرار الجين هو :

$$N = \frac{4(20)(1000)}{20+1000} = 78$$

ويلاحظ هنا أن N أقرب إلى عدد الطلائق منها إلى عدد الأبقار.

وتمثل المعادلة الآتية العلاقة بين عدد الحيوانات (N) وعدد الأجيال (t) والتباين الأصلي (σ^2_o) والتباين النهائي بعد عدة أجيال (σ^2_t) من حدوث المصادفة :

$$t = 2N\,Ln\frac{\sigma_0{}^2}{\sigma^2{}_t} \quad (٥,٢)$$

حيث إن : t = عدد الأجيال اللازمة لتغيير الجين بواسطة المصادفة ، Ln هي اللوغاريتم الطبيعي.

(٥,١,٢) أمثلة محلولة لأثر المصادفة على تكرار الجين

مثال محلول رقم (١) : ما هو عدد الأجيال اللازمة للمصادفة لخفض σ^2_o إلى ثلثي قيمته وذلك إذا علمت أن العدد المعادلي للحيوانات هو ألف حيوان.

$$t = 2N(Ln^3/_2) = 2\,(1000)\,(0.4054) = 811$$

أي أنه يلزمنا ٨١١ جيل لخفض التباين الأصلي بمقدار الثلث. أو ٣٢٤٤ عاما في حالة الأبقار (٨١١×٤ =٣٢٤٤) وكذلك ٢٤٣٣ عاما في حالة الأغنام (٨١١×٣=٢٤٣٣). هذا طبعاً مع فرض أن المصادفة هي العامل الوحيد الذي يؤثر على التباين.

مثال محلول رقم (٢) : احسب عدد الحيوانات المعادلي (العدد الذي يحدد المدى الذي تلعبه المصادفة في تغير تكرار الجين) في كل من الحالات الآتية مع مقارنته بعدد الحيوانات الفعلي :

أ) عدد الإناث ٢٠٠ والذكور ٢٠٠ :

$$N = \frac{4(200)(200)}{200+200} = 400$$

يلاحظ أن N ضعف عدد الذكور أو الإناث.

ب) عدد الإناث ٢٠٠ والذكور ١٠ :

$$N = \frac{4(200)(10)}{200+10} = 38$$

يلاحظ هنا أن N أقرب إلى عدد الذكور الفعلية منها إلى عدد الإناث.

جـ) عدد الإناث ٤٠ والذكور ١٠٠ :

$$N = \frac{4(40)(100)}{140} = 114$$

يلاحظ هنا أن N أقرب إلى عدد الذكور الفعلية.

مثال محلول رقم (٣) : احسب عدد الأجيال t في الحالات الآتية :

أ) إذا أردنا خفض التباين الأصلي بمقدار النصف وعدد الحيوانات المعادلي ٢٠٠٠ :

$$t = 2N \ \text{Ln} \frac{\sigma_0{}^2}{\sigma^2{}_t} = 2(2000) Ln \tfrac{2}{1} = 2(2000)(0.6931) = 2772.4$$

ب) إذا أريد خفض التباين الأصلي إلى الثلث وكان عدد الإناث ١٠٠ والذكور ٥ :

$$N = \frac{4 N_m N_f}{N_m + N_f} = \frac{4(100)(5)}{5+100} = 19.05$$

$$t = 2 N (\text{Ln}3/1) = 2(19.05) (1.0986) = 41.8/2 = 20.9$$

وإذا علمت أن متوسط طول الجيل في الأبقار هو ٤ سنوات وفي الأغنام ٣ سنوات احسب الحالات السابقة بالسنين.

وبذلك يتضح أن المصادفة وحدها ليست لها أهمية بالنسبة لمربي الحيوان وذلك للأسباب الآتية :

١- ضآلة تأثيرها.

٢- عدم تحكم مربي الحيوان فيها بصورة مباشرة.

ولكن هذا لا يقلل من أهمية المصادفة فيما يتعلق بالتطور شأنها في ذلك شأن الطفرة. كما يجب على مربي الحيوان أن يأخذ حذره من المصادفة وأثرها في تغيير تكرار الجين إذا كانت الأعداد في قطيعة صغيرة.

(٥, ٢) العوامل المنتظمة المؤثرة في تكرار الجين

(٥, ٢, ١) أثر الطفرة في تكرار الجين

(٥, ٢, ١, ١) دور الطفرة في تشكيل العشائر الحيوانية

تعرف الطفرة Mutation بصفة عامة بأنها تغيير في التركيب الوراثي والذي ينتج عنه تغيرات تورث من جيل إلى آخر. ومن الوجهة الوراثية الدقيقة فإنها تعرف بأنه التغيير الذي يحدث في تكوين الجين نفسه. أي أن التعريف الأخير يستبعد كل التغيرات الموروثة الناتجة عن الشذوذ الكروموسومى. والطفرات عامل غاية في الأهمية في التطور على مدى الأجيال المتعددة إلا أن قيمتها بسيطة لدى مربي الحيوان بسبب ندرتها إذ يقدر معدل الطفور Mutation rate في الحيوان بحوالي ٠,٠٠٠٠١ أو أقل. أي أن هناك احتمال حدوث طفرة لكل ١٠٠,٠٠٠ جين. وإن كانت هذه النسب ضئيلة في نظر مربي الحيوان فإنها مهمة للتطور وذلك لتراكمها على مدى الأجيال إذ تقدم الطفرات مرجعا لتراكيب وراثية جديدة كثيراً ما تكون للمرة الأولى والتي يمكن للانتخاب أن يلعب دوراً فيها. ومع ذلك فإن الطفرة غير مهمة عموما لمربي الحيوان، وذلك لأن :

١- معظم الطفرات تحدث بمعدل منخفض.

٢- الطفرات ذات أثر سيئ أو ضار أو ذات أثر ضئيل.

٣- معظم الطفرات ذات تأثير وراثي متنحي وبالتالي يختفي تأثيرها الضار تحت تأثير الأليل السائد في التراكيب الوراثية الخليطة وبالتالي تقل فرصة زيادة تكرارها.

٤- الطفرة عشوائية الحدوث، أي أنه لم يتوصل العلم بعد لعمل شيء معين لإحداث طفرة معينة في الحيوان ولكن مع استخدام التقنيات الحيوية Bio-technology والهندسة الوراثية Genetic engineering في مجال تربية وتحسين الحيوان يمكن إيجاد جينات جديدة (مطفرة) وذلك في بعض الحيوانات.

(٢, ١, ٢, ٥) أنواع واتزان الطفرات

١- طفرة نادرة الحدوث (طفرة غير متكررة) Non-recurrent mutation

وهى طفرة نادرة جدا أي وحيدة في العشيرة فمثل هذه الحالة ليس للطفرة أهمية أو أهميتها قليلة في تغيير التكرار الجيني للعشيرة، وذلك لضعف احتمال بقائها في المجموعة إلا إذا كانت لها ميزة انتخابية Selective advantage. فإذا فرض أنه نتيجة لظهور الطفرة يظهر فرد واحد ذو تركيب جينى جديد، فالجين الطافر الجديد يكون عرضة للفقد بالمصادفة من العشيرة أو قد يستمر ويساعده الانتخاب على البقاء في العشيرة ولكن فرصته في الحياة تقل جيلا بعد آخر.

٢- طفرة متكررةRecurrent mutation

يمكن للطفرة المتكررة أن تحدث تغيرات في نسبة تكرار الجين وذلك لتكرار حدوثها وضغطها على نسبة الجين في العشيرة لأنها تحدث بانتظام. وفي العشائر كبيرة العدد ومهما قلت نسبة الجين فإنها توجد بوفرة كافية قبل أن تسمح بفقدها. ويمكن معرفة مقدار التغير في تكرار الجين بسبب حدوث الطفرات المتكررة كما يلي :

أ) طفرة في اتجاه واحد : $p_A \xrightarrow{u} q_a$

إذا فرض أن الجين A حدثت له طفرة هي a بمعدل طفور مقداره u بعد جيل واحد من حدوث الطفرة وكان التكرار الجيني للجين P = A فيكون التكرار الجيني للجين a الذي نتج في العشيرة نتيجة حدوث الطفرة هو up ويكون التكرار الجيني الجديد للجين A بعد حدوث الطفرة هو :

$$p_A = p - up$$

u = معدل الطفور من A – a = عدد الحيوانات الطافرة ÷ العدد الكلي للحيوانات.

ويمكن حساب معدل التغير في التكرار الجيني (Δp) في العشيرة نتيجة حدوث الطفرة كما يلي :

Δp = التكرار الجيني بعد حدوث الطفرة – التكرار الجيني قبل حدوث الطفرة.

$$\Delta p = (p-up) - p = p - up - p = - up \quad (٥,٣)$$

حيث إن : p = تكرار الجين A في العشيرة قبل حدوث الطفرة.

up = مقدار التغير في تكرار الجين A في العشيرة بعد حدوث الطفرة.

$p - up$ = تكرار الجين A في العشيرة الجديدة بعد حدوث الطفرة.

ومن ثم فإن التغير في تكرار الجين A في هذه العشيرة نتيجة حدوث الطفرة يكون $-up$.

ب) طفرة في اتجاهين متضادين

إذا فرض وجود أليلين هما A، a في عشيرة كبيرة وبتكرار جينى مقداره p، q على الترتيب. وإذا فرض أن الجين A طفر إلى a بمعدل حدوث للطفرة مقداره U وأن معدل حدوث الطفرة من الجين a إلى الجين A هو V فإنه يمكن معرفة مقدار التغير في تكرار الجين بسبب حدوث الطفرات كما يلي :

$$p_A \xrightarrow{u} q_a$$

$$vq \xleftarrow[V]{} up$$

وبعد جيل واحد من حدوث الطفرة في اتجاه والطفرة المعاكسة في الاتجاه الآخر ، فإنه يحدث زيادة في تكرار الجين a بمقدار up ونقصان في تكرار هذا الجين بمقدار vq وبالتالي فإن مقدار التغير في تكرار الجين Δq بعد حدوث الطفرة وكذلك حدوث الطفرة المعاكسة يكون :

$$\Delta q = up - vq \quad (٥,٤)$$

ومن الطبيعي أن هذه الحالة تؤدى إلى حالة من الاتزان في تكرار الجين تسمى الاتزان الطفري ولا يحدث أي تغير في تكرار الجين فيما بعد وعند حالة الاتزان الطفري هذه نجد أن :

$$pu = qv \quad (٥,٥)$$

$$\therefore\ p/q = v/u \quad (٥,٦)$$

أي أنه يمكن الوصول إلى حالة التوازن عندما تكون :

$$pu = qv$$
$$pu = (1- p)\ v$$
$$pu = v - vP$$
$$\therefore\ v = pu + vp$$
$$v = p\ (u + v)$$

أي أن تكرار الجين A بعد حدوث الطفرة في اتجاه ما هو :

(٥,٧)................ $\mathbf{p = v / (u+v)}$

ويمكن بالتالي إيجاد قيمة تكرار الجين بعد حدوث الطفرة في الاتجاه المعاكس (q) كالتالي :

$$q = 1- P = 1 - [v /(u+v)]$$

(٥,٨).................... $\therefore\ \mathbf{q = u / (u + v)}$

فإذا كانت u = ٠,٠٠٠٠٠١ ، v = ٠,٠٠٠٠٠١ فإن التوازن الطفري يحدث عندما تكون :

$$p = v /(u+v)$$
$$= 0.000001 /(0.000001 + 0.000001) = 0.5$$

وذلك طبعا بفرض أن القوى الوحيدة المؤثرة في تكرار الجين هي الطفرات فإذا كنا بدأنا مثلا بجين تكراره هو ٠,٧ فما هو عدد الأجيال المطلوبة لنصل إلى حالة التوازن؟ فإذا كان الفرق بين ٠,٥ ، ٠,٧ يمثل عدم التوازن فكم جيلاً تلزم لإزالة ١٠٪ أو ٢٠٪ أو ٥٠٪ أو ٩٠٪ من هذا الفرق؟ وقد حسب Lush (Lush, 1948) عدد الأجيال اللازمة لإزالة جزء من الفرق بين تكرار الجين الأصلي وتكرار الجين في الاتزان لقيم مختلفة من u ، v كما هو موضح :

النسبة (٪) من عدم الاتزان اللازم إزالتها للوصول إلى الاتزان الطفري	v = u	v= 0
10	5268	10536
20	11157	22316
50	34657	69315
90	111129	230259

المصدر: Lush 1948.

ومعنى ذلك أنه لإزالة ١٠٪ من عدم الاتزان عندما تكون u = v يلزمنا ٥٢٦٨ جيلا. وهذا يعني ٥٢٦٨×٤ = ٢١٠٧٢ سنة بالنسبة للأبقار مثلا. أما إذا كانت u أكبر من v فإنها تحتاج إلى عدد أكبر من الأجيال. وبذلك تتضح عدم فاعلية الطفرة في تغيير تكرار الجين في مدة بسيطة يمكن لمربي الحيوان أن يستفيد منها ويستخدمها. وجدير بالذكر هنا أنه لو حدثت طفرة باستخدام التقنيات الحيوية والهندسة الوراثية في الحيوان سيلاحظ تغير واضح في تركيب العشيرة.

(٣, ١, ٢, ٥) أمثلة محلوله لأثر الطفرة على تكرار الجين

احسب قيمة p_A في حالة الاتزان الطفري في كل من الحالات الآتية :

(أ) u= ١×١٠^-٥ ، v= ١×١٠^-٦

(ب) u= ٤×١٠^-٦ ، v= ٧×١٠^-٦

علما أن u هي معدل الطفرة من A إلى a ، v هي معدل الطفرة من a إلى A.

الحل

أ)

$$A \underset{v = 1x\ 10^{-6}}{\overset{u = 1x\ 10^{-5}}{\rightleftarrows}} a$$

$$p_A = v / (u + v)$$

$$P_A = 0.000001 / (0.00001 + 0.000001) = 1/11 = 0.091$$

$$q_a = u / (u + v) = 0.909$$

ب)

$$A \underset{v = 7x\ 10^{-6}}{\overset{u = 4x\ 10^{-6}}{\rightleftarrows}} a$$

$$p_A = v / (u + v)$$

$$P_A = 0.000007 / (0.000004 + 0.000007) = 0.636$$

$$q_a = 0.364$$

(٢ ,٢ ,٥) أثر الهجرة في تكرار الجين

(١ , ٢ ,٢ ,٥) دور الاستيراد أو الهجرة في تشكيل العشائر الحيوانية

تلعب الهجرة Migration دورا هاما في تشكيل عشائر الحيوانات في المناطق المختلفة. والمقصود بالهجرة هنا هو إدخال مجموعة من الحيوانات ذات تركيب وراثي معين إلى مجموعه أخرى لم تكن تتبعها من قبل، وبذلك تدخل هذه الأفراد المهاجرة Immigrants وتتزاوج مع أفراد العشيرة المهاجرة إليها. وعلى ذلك فكل عمليات استيراد حيوانات التربية من الخارج تعد هجرة وما يرافقها عند استيراد ماشية اللبن أو الأغنام أو الماعز وخلافه وذلك بقصد خلطها مع الأفراد المحلية؛ لأن الأفراد المستوردة تمتاز بأنها أحسن في تركيبها الوراثي وفي الصفات الاقتصادية مثل إنتاج اللبن والصوف والبيض وخلافه. كذلك فإن الاستيراد يؤدي إلي زيادة تكرار الجين المسئول عن الصفة في الأفراد المحلية ويكون نتيجة لذلك أن الأفراد الناتجة من الهجرة أو الاستيراد تحمل في تركيبها الوراثي تكراراً أعلى من الجينات المسئولة عن الإنتاج العالي مما يؤدي إلى زيادة الإنتاج عموما كما يجب ملاحظة أن زيادة الإنتاج تتأثر أيضا بعوامل بيئية أخرى. وبالتالي فإن للهجرة تأثيراً كبيراً على إحداث تغيير في تكرار الجين للعشيرة الأصلية. ويعتمد مقدار التغير في تكرار الجين على :

١- تكرار الجين في العشيرة الأصلية.

٢- تكرار الجين في العشيرة المهاجرة.

٣- معدل الهجرة، وهى نسبة الأفراد المهاجرة والتي يسمح لها بالتناسل والتزاوج في العشيرة الأصلية، أي نسبة الجاميطات التي تساهم بها الأفراد المهاجرة في العشيرة الأصلية.

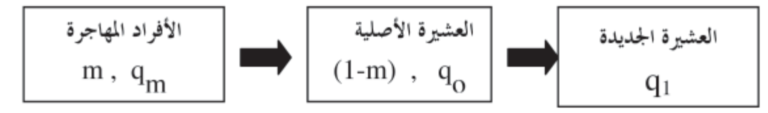
فإذا فرض في عشيرة كبيرة العدد أن نسبة الأفراد المهاجرة إليها في كل جيل هو (m) ، وعلى ذلك فإن نسبة الأفراد في العشيرة الأصلية هو (1-m). وإذا فرض أن تكرار الجين لجين معين في الأفراد المهاجرة هو (qm) وتكرار هذا الجين

في العشيرة الأصلية (qo) ، فيكون التكرار الجيني لهذا الجين في العشيرة الخليطة (المتكونة من الأفراد الأصلية والمهاجرة) هو (q_1) أي أن قيمة q_1 بعد جيل واحد من الهجرة تكون :

$$q_1 = mq_m + (1\text{-}m)q_o = mq_m + q_o - mq_o$$
$$= m(q_m - q_o) + q_o$$

$$\therefore \mathbf{q_1 = \Delta q + q_o} \quad \text{........................} (٥, ٩)$$

ويمكن توضيح ذلك في الرسم التالي :



حيث إن :

(1-m) = نسبة الأفراد في العشيرة الأصلية m= نسبة الأفراد المهاجرة.

q_o= التكرار الجيني في العشيرة الأصلية qm = التكرار الجيني للأفراد المهاجرة.

وتبعا لذلك فإن مقدار التغير في التكرار الجيني (Δq) بعد جيل واحد من الهجرة هو عبارة عن الفرق بين تكرار الجين بعد وقبل الهجرة. أي أنه يساوي :

$$\Delta q = q_1 - qo = m(qm - qo) + qo - qo$$

$$\mathbf{\Delta q = m(q_m - qo)} \quad \text{....................} (٥, ١٠)$$

وإذا لم تختلف العشيرتان عن بعضهما في تكرار الجين وكانت الحيوانات المهاجرة عينة عشوائية فإن هذا لن يؤثر على أي من العشيرتين. ولكن إذا اختلفت المجموعتان أو العشيرتان في تكرار الجين وهذا هو الغالب فيكون للهجرة أثرها ويتوقف هذا الأثر على العوامل التي يتوقف عليها أثر الهجرة في تكرار الجين بالعشيرة وهي :

١ - عدد الحيوانات المضافة (المهاجرة).

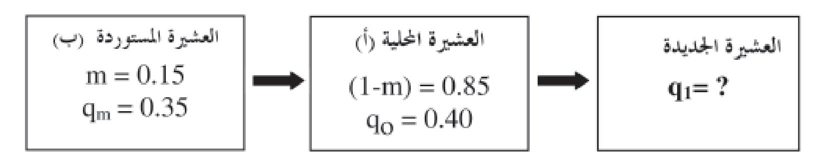
٢ - الفرق بين تكرار الجين في العشيرتين أو المجموعتين.

ومن المعادلة السابقة يلاحظ أن مقدار التغير في التكرار الجيني يعتمد على معدل الهجرة (m)، وكذلك علي الفرق بين التكرار الجيني في العشيرة المهاجرة والتكرار الجيني في العشيرة الأصلية.

ومن ذلك أيضا يتضح أنه لكي لا يكون هناك أثر للهجرة إما أن تكون m = صفر أو $q_o=q_m$. ومن الطبيعي فإن القطعان المغلقة Closed population من السلالات النقية في الحيوانات الزراعية يكون تأثير الهجرة فيها معدوماً ولا يحدث أي تغير في تكرار الجين؛ وذلك لعدم إدخال جينات جديدة في مثل هذه السلالات.

(٢, ٢, ٢, ٥) أمثلة محلولة لتوضيح أثر الهجرة أو الاستيراد على تكرار الجين بالعشيرة

مثال محلول رقم (١) : عشيرتان من الأغنام الأولى محلية (أ) والثانية أجنبية (ب) وكان تكرار الجين **a** بالثانية هو ٠,٣٥ وبالأولى ٠,٤٠، وتم استيراد عدد من الحيوانات من العشيرة (ب) إلى العشيرة (أ) بحيث أصبح عدد حيوانات العشيرة الجديدة بنسبة ٠,١٥ من العشيرة (ب) ، ٠,٨٥ من العشيرة (أ). فما هو مقدار التغير في تكرار الجين بالمجموعة الجديدة ؟ وما هو التكرار الجيني في العشيرة الجديدة ؟



مقدار التغير في التكرار الجيني في المجموعة الجديدة هو :

$$\Delta q = m(q_m - q_o) = 0.15(0.35 - 0.40) = -0.0075$$

وبالتالي فإن التكرار الجيني في المجموعة الجديدة(q_1) هو :

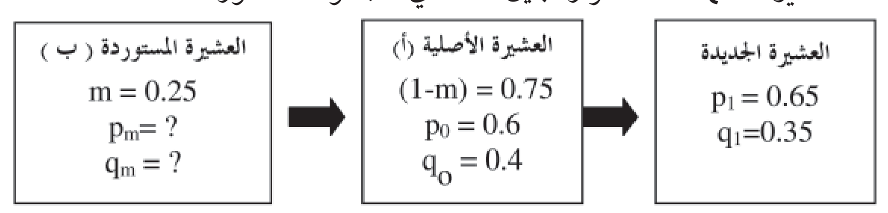
$$q_1 = \Delta q + q_O = -0.0075 + 0.40 = 0.3925$$

ويمكن حساب q_1 بأسلوب مباشر كما يلي :

$$q_1 = m(q_m - q_o) + q_o$$
$$= 0.15(0.35 - 0.40) + 0.4 = 0.3925$$
$$\therefore p_1 = 1 - 0.3925 = 0.6075$$

وواضح أنه إذا هاجرت مجموعة من الحيوانات من عشيرة تكرار الجين المتنحي a بها أقل من العشيرة المهاجرة إليها فإن ذلك يؤثر في العشيرة الأصلية ويزداد تكرار الجين السائد A، وبالتالي يزداد تكراره بالعشيرة الأصلية والعكس صحيح.

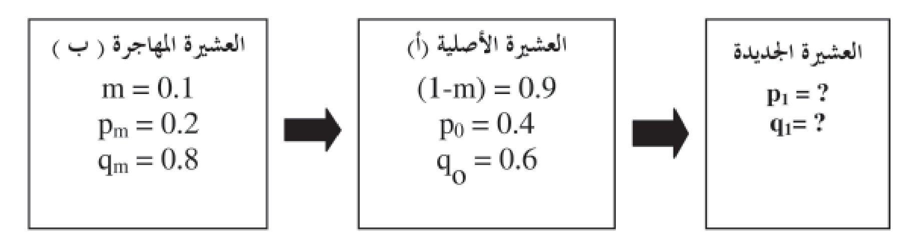
مثال محلول رقم (٢) : استوردت مجموعة من الحيوانات بحيث كانت تمثل ٠,٢٥ من حجم القطيع الموجود. ثم تزاوجت عشوائياً أفراد العشيرة الأصلية والعشيرة المهاجرة فيما بينها، وإذا علمنا أن تكرار الجين a كان ٠,٤ قبل الاستيراد وأصبح ٠,٣٥ بعد الاستيراد . فماذا كان تكرار الجين A ، a في المجموعة المستوردة ؟



$$\Delta q = q_1 - q_o = 0.35 - 0.4 = -0.05$$
$$\Delta q = m(q_m - q_o)$$
$$-0.05 = 0.25q_m - 0.1$$
$$0.25q_m = 0.1 - 0.05$$
$$0.25q_m = 0.05$$
$$q_m = 0.05/0.25 = 0.2$$
$$p_m = 0.8$$

ويلاحظ هنا أن التكرار الجيني للجين A في العشيرة الجديدة زاد من ٠,٦–٠,٦٥ نتيجة إدخال أفراد من عشيرة تكرار الجين a بها أقل من تكرار العشيرة الأصلية.

مثال محلول رقم (٣) : في صفة الدجاج القزمي استوردت ١٠٠ طائر من عشيرة تتزاوج عشوائياً والتكرار الجيني q_a بها هو ٠,٨ وأضيفت هذه الطيور إلى ٩٠٠ طائر تكرار الجين q_a بها هو ٠,٦، وسمحت لهذه الطيور أن تتزاوج فيما بينها عشوائيا فما هو تكرار الجين في المجموعة الجديدة.



نسبة الأفراد المضافة إلى العشيرة هي :

$$m = \frac{100}{(100 + 900)} = 0.1$$

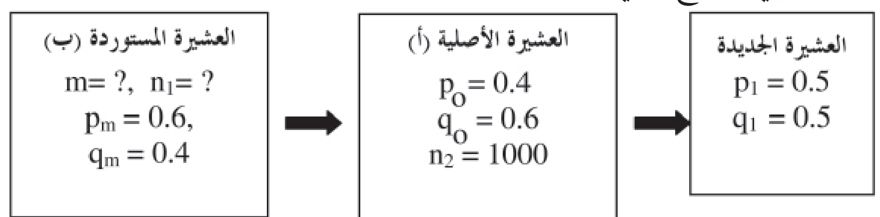
مقدار التغير في التكرار الجيني في المجموعة الجديدة (Δq) هو :

$$\Delta q = m(q_m - q_o) = 0.1(0.8 - 0.6) = 0.02$$

وبالتالي فإن التكرار الجيني في المجموعة الجديدة (q_1) يكون :

$$q_1 = \Delta q + q_o = 0.02 + 0.6 = 0.62$$

مثال محلول رقم (٤): ما هو عدد الحيوانات الذي يجب استيراده (n_1) إلى قطيع مكون من ١٠٠٠ رأس (n_2) وبه qa = ٦ , ٠ حتى تنخفض قيمة qa إلى ٥ , ٠ إذا كانت qa = ٤ , ٠ في القطيع الذي ستستورد منه الحيوانات.



$$\Delta q = q_1 - q_o = 0.5 - 0.6 = -0.1$$

$$\Delta q = m(q_m - q_o)$$
$$-0.1 = m (0.4 - 0.6)$$
$$-0.1 = -0.2 m$$
$$m = (-0.1)/(-0.2) = ½$$

نسبة الأفراد المضافة للعشيرة = عدد الأفراد المضافة ÷ عدد أفراد العشيرة كلها

$$m = n_1 / (n_1 + n_2)$$
$$½ = n_1 / (n_1 + 1000)$$
$$2n_1 = 1000 + n_1$$
$$n_1 = 1000$$

عدد الحيوانات المستوردة الذي يجب إضافته إلى القطيع = ١٠٠٠ حيوان لكي تنخفض قيمة تكرار الجين a في العشيرة الأصلية بمقدار ١ , ٠.

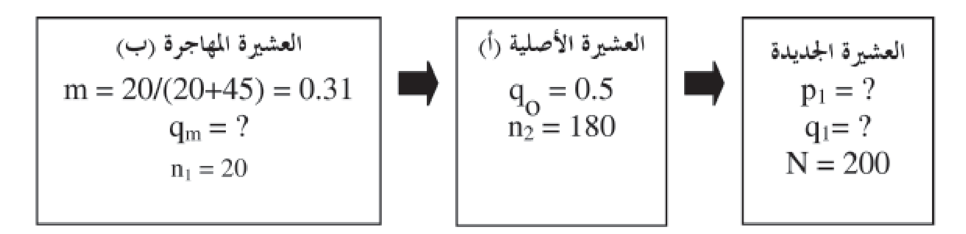
مثال محلول رقم (٥) : عشيرة أصلية (أ) تتزاوج عشوائيا ومكونة من ١٨٠ رأساً من الأغنام النجدية منهم ٤٥ حيواناً تركيبها الوراثي aa. هاجرت مجموعة مكونة من ٢٠ حيواناً من الأغنام النجدية أيضا تركيبها الوراثي هو aa (العشيرة ب) إلى العشيرة الأصلية ، فما هو تكرار الجين في نسل العشيرة الجديدة بعد تزاوجها عشوائياً ؟

تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في العشيرة الأصلية (أ) قبل الهجرة :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	135		45	180
تكرار التراكيب الوراثية	0.75		0.25	1.0
	p_0^2	$2p_0q_0$	q_0^2	

$p_0 = 0.5$ $\qquad$ $q_0 = \sqrt{q_0^{\,2}} = \sqrt{0.25} = 0.5$

و تكرار التراكيب الوراثية بالعشيرة الجديدة بعد الهجرة تصبح :



حيث m = نسبة الأفراد المهاجرة التي تحمل التركيب الوراثي aa.

ومن ثم فإن تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني بعد جيل واحد من الهجرة تصبح :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	135		65	200
تكرار التراكيب الوراثية	0.675		0.325	1.0
	p^2_1	$2p_1q_1$	q^2_1	

$$q_1 = \sqrt{q_1{}^2} = \sqrt{0.325} = 0.57 \qquad p_1 = 0.43$$

مقدار التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الهجرة هو :

$$\Delta q = q_1 - q_o = 0.57 - 0.5 = 0.07$$

ويمكن حساب تكرار الجين في الأفراد المهاجرة ذات التركيب الوراثي aa كما يلي :

$$\Delta q = m\,(q_m - q_0)$$
$$0.07 = 0.31\,(q_m - 0.5)$$
$$0.07 = 0.31q_m - 0.155$$
$$q_m = 0.225 / 0.31 = 0.73$$

أي أن تكرار الجين في الأفراد المهاجرة ذات التركيب الوراثي aa كان ٠,٧٣ .

(٣ ,٢ ,٥) أثر الانتخاب في تكرار الجين

يحدث الانتخاب Selection عندما يسمح لبعض أفراد العشيرة في أن تتزاوج وتنتج نسلاً أكثر من أفراد أخرى في العشيرة نفسها، والأفراد في مثل هذه الحالة تكون قد استبقيت Saved وانتخبت وراثيا في العشيرة. أما الأفراد الأخرى المحدودة في معدل تزاوجها وتناسلها أو التي لم يسمح لها بالتزاوج والتكاثر لإنتاج نسلاً جديداً في الجيل التالي فإن مثل هذه الأفراد تكون قد استبعدتCulled من العشيرة وراثياً. هذا مع الافتراض سابقا بأن الأفراد في العشيرة تتساوي في خصوبتها Fertility وحيويتها Viability ولكن إذا اختلفت الأفراد في خصوبتها أو حيويتها فإن ذلك يؤدي إلى اختلاف في حجم النسل الناتج في الجيل التالي وذلك يؤثر في التكرار الجيني وتكرار التراكيب الوراثية في العشيرة. هذا مع الافتراض أن جيناً معيناً يؤثر في حيوية وخصوبة أفراد العشيرة وأن الانتخاب يلعب دوراً مهماً على مثل هذا الجين. هذا ويؤدي تأثير

الانتخاب إلى التأثير على التكرار الجيني وتتوقف قوة هذا التأثير على شدة الانتخاب Selection intensity والتي يرمز لها عادة بالرمز (s). فإذا فرض على سبيل المثال أن شدة الانتخاب (s) تساوي ٢ , ٠ فمعنى ذلك أن كل ١٠٠ بويضة مخصبة ناتجة من التركيب الجيني المرغوب فيه تقابلها ٨٠ بويضة مخصبة من التركيب الوراثي المنتخب ضده.

وفي واقع الأمر فإن الانتخاب لا يخلق جينات جديدة في العشيرة، بل يسمح الانتخاب للأفراد التي تحمل بعض الجينات المرغوبة فيها أو التي تحمل تجمعات جينية مرغوب فيها Desired gene combinations في أن تنتج نسلاً في الأجيال التالية وذلك أكثر من الأفراد الأخرى التي لا تحمل مثل هذه الجينات أو التجمعات الجينية المرغوبة. ولذلك فإن للانتخاب أثراً كبيراً في إحداث تغير في تكرار الجين وبالتالي يكون للانتخاب القدرة على تكوين طرز Lines وأنماطTypes جديدة من الأفراد لم تكن موجودة في القطيع الأصلي أو العشيرة الأصلية.

(١ ,٣ ,٢ ,٥) أسلوب فالكونر للاختزال لتوضيح أثر الانتخاب في تكرار الجين

لمعرفة تأثير الانتخاب على تكرار الجين في عشيرة ما يفترض وجود زوج واحد من الجينات هما A ، a وبتكرار جينى p ، q على التوالي مع افتراض أن الجين (A) هو الجين المرغوب فيه وأن الجين(a) هو جين غير مرغوب فيه. وإذا فرض أيضاً أن الانتخاب لصالح الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي AA والذي شدته هي s وبضرب التكرار الجيني الأولي Initial gene frequency لكل تركيب وراثي في درجة صلاحيته أو مواءمته الوراثيةFitness أي نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي فإنه يمكن الحصول على ما يساهم به كل تركيب وراثي في أفراد الجيل التالي. وطبقاً لأسلوب فالكونر للاختزال الذي ورد في كتابه(Falconer, 1989) يمكن تلخيص مقدار التغير في التكرار الجيني (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب وتحت الظروف المختلفة من درجة السيادة Degree of dominance في الجدول رقم (١ , ٥). وجدير بالذكر هنا أن هذا الكتاب قد تم ترجمته من قبل أحمد عبد الله عام ١٩٩٢م بجامعة عمر المختار البيضاء بليبيا.

الجدول رقم (١ ,٥). أسلوب Falconer للاختزال لتوضيح أثر الانتخاب في تكرار الجين في حالات السيادة المختلفة في العشيرة.

حالة السيادة والانتخاب	انحراف التركيب الوراثي الخليط (Aa) عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي Fitness
حالة غياب السيادة (أثر الجين تجمعي) والانتخاب ضد الجين المتنحي a	Aa في منتصف المسافة بين AA ، aa	نقطة الوسط AA Aa aa (1) (1- ½s) (1-s) 0
حالة وجود سيادة غير تامة والانتخاب ضد الجين المتنحي a لصالح الجين A	Aa تنحرف تجاه التركيب AA	AA Aa aa (1) (1-hs) 0 (1-s)
حالة وجود سيادة غير تامة والانتخاب ضد الجين السائد A لصالح الجين a	Aa تنحرف تجاه التركيب aa	AA Aa aa 1-s 0 (1-hs) (1)
حالة وجود سيادة تامة والانتخاب ضد الجين المتنحي a لصالح الجين A	Aa تنطبق على قيمة التركيب AA	Aa AA aa (1) 0 (1-s)
حالة وجود سيادة تامة والانتخاب ضد الجين السائد A لصالح الجين a	Aa تنطبق على قيمة التركيب aa	Aa AA aa (1-s) 0 (1)
حالة وجود سيادة فائقة Over– dominance) والانتخاب ضد Aa	Aa فائقة عن قيمة التركيب AA	Aa AA aa (1-s) (1) 0 (1)

s = **شدة الانتخاب أو معامل الانتخاب ضد جين ما.**

h = **شدة الانتخاب ضد التركيب الوراثي الخليط.**

(٢ ,٣ ,٢ ,٥) الانتخاب في حالة غياب السيادة ووجود الأثر التجمعى للجين والانتخاب ضد الجين المتنحي لصالح الجين السائد Selection in case of no dominance

إذا فرض وجود عشيرة في حالة اتزان وأن الانتخاب تم ممارسته في حالة وجود الأثر التجمعي للجين Additive effect لصالح الجين السائد الأصيل **A** وضد الجين المتنحي الأصيل a، فإننا نجد أن تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث الانتخاب موضح في الجدول رقم (٢ , ٥).

الجدول رقم (٢ , ٥). تكرار التراكيب الوراثية بعد ممارسة الانتخاب لصالح الجين السائد وضد الجين المتنحي وفي حالة وجود الأثر التجمعى للجين.

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب Initial genotypic frequency	P^2	2pq	q^2	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي Fitness	1	1- ½s	1-s	
تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب أو مساهمة كل تركيب وراثي في النسل (التكرار الزيجوتي) Genetic contribution	P^2	2pq(1-½s)	$q^2(1-s)$	1-sq

من الجدول رقم (٢ , ٥) يلاحظ أن مجموع ما تساهم به التراكيب الوراثية في النسل بعد جيل من الانتخاب هو (1-sq). ويمكن توضيح كيفية حساب هذا المجموع كما يلي :

$$p^2 + 2pq(1- ½s) + q^2 (1-s)$$
$$= p^2 + 2pq - spq + q^2 – sq^2$$
$$= (p^2 + 2pq + q^2)- spq – sq^2$$
$$= 1- spq –sq^2 = 1 – sq(p+q) = 1-sq$$

وواضح من ذلك أن شدة الانتخاب ضد التراكيب الوراثية aa ضعف شدة الانتخاب ضد Aa؛ لأن التركيب الأول به من a ضعف ما هو موجود في التركيب Aa. ومعنى ذلك أن مظهر الصفة للفرد يقع تماما في منتصف المسافة بين **AA**، aa (أي ليس هناك سيادة). وعندما تتزاوج هذه الآباء المنتخبة فإن تكرار الجين في الجيل الأول من الأبناء (الانتخاب ضد الجين a غير المرغوب فيه) يكون :

$$q_1 = \frac{q^2(1-s) + \frac{1}{2}(2pq)(1-\frac{1}{2}s)}{1-sq}$$

$$q_1 = \frac{q^2 - sq^2 + pq - \frac{1}{2}spq}{1-sq}$$

وبالتعويض عن قيمة p = 1-q نجد أن:

$$q_1 = \frac{q^2 - sq^2 + q(1-q) - \frac{1}{2}sq(1-q)}{1-sq}$$

$$q_1 = \frac{q^2 - sq^2 + q - q^2 - \frac{1}{2}sq + \frac{1}{2}sq^2}{1-sq}$$

$$q1 = \frac{q - \frac{1}{2}sq - \frac{1}{2}sq^2}{1-sq} \quad \text{................ (٥,١١)}$$

ويكون مقدار التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب (Δq) هو عبارة عن الفرق بين تكرار الجين بعد وقبل الانتخاب. أي أن :

$$\Delta q = q_1 - q = \frac{q - \frac{1}{2}sq - \frac{1}{2}sq^2}{1-sq} - q$$

$$\Delta q = \frac{q - \frac{1}{2}sq - \frac{1}{2}sq^2 - q(1-sq)}{1-sq}$$

$$\Delta q = \frac{q - \frac{1}{2} sq - \frac{1}{2} sq^2 - q + sq^2}{1 - sq}$$

$$\Delta q = \frac{\frac{1}{2} sq^2 - \frac{1}{2} sq}{1 - sq}$$

$$\Delta q = \frac{- \frac{1}{2} sq + \frac{1}{2} sq^2}{1 - sq}$$

$$\Delta q = \frac{- \frac{1}{2} sq (1 - q)}{1 - sq} \quad \text{.................} \quad (٥,١٢)$$

ومن هذه المعادلة تتضح نقطتان أساسيتان في قدرة الانتخاب على تغيير تكرار الجين :

١- كلما زادت شدة الانتخاب (s) زادت فاعلية الانتخاب في تحريك تكرار الجين من موضعه.

٢- بزيادة قيمة **pq** (والتي ترتبط بقيمة التباين الوراثي في العشيرة أو كمية الخليط فيها Heterozygosity) تزداد قدرة الانتخاب على تغيير تكرار الجين.

مثال محلول : إذا كانت q_a = ٤ , ٠ وشدة الانتخاب = ٢ , ٠ فما هو معدل التغيير في التكرار الجيني بعد جيل واحد من الانتخاب (Δq) إذا علمت أن هناك غيابا للسيادة.

الحل

تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية في العشيرة الأصلية قبل حدوث الانتخاب:

$q_a = 0.4$ $P_A = 0.6$

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب قبل الانتخاب	0.36	0.48	0.16	1.0

معدل التغير في تكرار الجين بعد جيل من الانتخاب :

$$\Delta q = -\frac{\frac{1}{2} sq(1-q)}{1-sq}$$

$$\Delta q = \frac{-\frac{1}{2}(0.2)(0.4)(0.6)}{1-(0.2)(0.4)} = -0.024/0.92 = -0.026$$

أي أن تكرار الجين في الجيل الأول من الانتخاب سيصبح كالتالي :

$$q_1 = 0.4 - 0.026 = 0.374$$

$$P_1 = 1-q_1 = 1- 0.374 = 0.626$$

ومن ثم حدوث نقص في تكرار الجين المتنحي وزيادة في تكرار الجين السائد.

وبالتالي فإن تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب يصبح :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب بعد جيل من الانتخاب	$p^2 = (0.626)^2 = 0.392$	$2pq = 2(0.626)(0.374) = 0.468$	$q^2 = (0.374)^2 = 0.14$	1.0

وعندما تكون شدة الانتخاب = ٠,٣ (أي تضعف نسبة ما تساهم به **a** في النسل بعد جيل من الانتخاب) فإن معدل التغيير في التكرار الجيني بعد جيل واحد من الانتخاب (Δq) يكون :

$$\Delta q = \frac{-\frac{1}{2}(0.3)(0.4)(0.6)}{1-(0.3)(0.4)} = -0.041$$

أي أن تكرار الجين a في الجيل الأول من الانتخاب سيصبح :

$$q_1 = 0.4 - 0.041 = 0.359$$

$$P_1 = 1-q_1 = 1-0.359 = 0.641$$

وعندما تكون شدة الانتخاب = ٠,١ (أي تقوي نسبة ما تساهم به a في النسل بعد جيل من الانتخاب) فإن معدل التغيير في التكرار الجيني بعد جيل واحد من الانتخاب (Δq) يكون :

$$\Delta q = \frac{-\frac{1}{2}(0.1)(0.4)(0.6)}{1-(0.1)(0.4)} = -0.0125$$

أي أن تكرار الجين في الجيل الأول من الانتخاب سيصبح :

$q_1 = 0.4 - 0.0125 = 0.3875$

$P_1 = 1-q_1 = 1-0.3875 = 0.6125$

أي أنه كلما قويت شدة الانتخاب ازداد التكرار الجيني والعكس صحيح.

(٥، ٢، ٣، ٣) الانتخاب في حالة وجود السيادة الجزئية Partial Dominance والانتخاب ضد الجين المتنحي

في المثال السابق حيث لم يكن هناك سيادة وكانت شدة الانتخاب ضد Aa في منتصف مقياس فالكونر ولكن عندما يكون التركيب Aa قريب من التركيب AA عنه إلى التركيب aa أي أن هناك قدر ما من السيادة فإن الانتخاب ضد التركيب Aa سيقل عن نصف الانتخاب ضد التركيب aa؛ وذلك لأن مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب Aa ليس في منتصف المسافة بين AA، aa. فإذا كان مظهر الصفة للأفراد التي تحمل التركيب Aa يقع في ثلث المسافة القريب من التركيبAA فيلاحظ أن شدة الانتخاب ضد Aa ستكون ثلث شدة الانتخاب ضد aa. وإذا رمز لشدة الانتخاب ضد الخليط بالرمز h فتكون نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي كما هو موضح في الجدول رقم (٣، ٥).

الجدول رقم (٣، ٥). تكرار التراكيب الوراثية بعد ممارسة الانتخاب ضد الجين المتنحى وفي حالة وجود السيادة الجزئية للجين

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب Initial genotypic frequency	P^2	2pq	q^2	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي Fitness	1	1-hs	1-s	
تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب أو مساهمة كل تركيب وراثي في النسل (التكرار الزيجوتي) Genetic contribution	p^2	2pq(1-hs)	$q^2(1-s)$	$1-2hspq-sq^2$

والرمز h يرمز لشدة الانتخاب ضد التركيب Aa بالنسبة للانتخاب ضد التركيب aa وهى متعلقة بدرجة السيادة. فإذا كانت السيادة تامة فإن نسبة الأفراد التي تحمل التركيب Aa = نسبة الأفراد التي تحمل التركيب AA وتكون النسبة المنتخبة من كل هي (1-hs)، (١، لأن h=صفر). أما إذا لم يكن هناك سيادة بالمرة فإن h=٥ , ٠ وهى الحالة التي سبق شرحها. ولذلك يمكن إعادة كتابة المعادلات السابقة في الصورة التالية :

$$q_1 = \frac{q^2 (1-s) + ½ [(2pq)(1-hs)]}{1- 2hspq - sq^2}$$

$$q_1 = \frac{q - hspq - sq_2}{1- 2hspq - sq_2} \quad \text{.................} (٥ , ١٣)$$

ومعدل التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب (Δq) هو عبارة عن الفرق بين تكرار الجين بعد وقبل الانتخاب كما هو موضح بعد

$$\Delta q = \frac{-spq[q + h(p - q)]}{1- 2hspq - sq_2} \quad \text{.................} (٥ , ١٤)$$

وبالتغاضي عن المقام الذي يكون قريبا من الواحد الصحيح عندما تكون s منخفضة أو مرتفعة (أو q تساوي صفرا) يمكن إعادة كتابة المعادلات كما يلي :

$$q_1 = q - hspq - sq^2$$
$$\Delta q = - spq[q + h(p - q)]$$

ومن هذه المعادلة أيضا تتضح أهمية شدة الانتخاب ونسبة التركيب الوراثي الخليط وعلاقتهما بقدرة الانتخاب على تغيير تكرار الجين.

(٥, ٢, ٣, ٤) الانتخاب في حالة وجود السيادة التامة Complete dominance والانتخاب ضد الجين المتنحى

في حالة أن يكون الانتخاب ضد الجين المتنحي a غير مرغوب فيه فتكون نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي كما هو موضح في الجدول رقم (٥ , ٤).

الجدول رقم (٥, ٤). تكرار التراكيب الوراثية بعد ممارسة الانتخاب ضد الجين المتنحي غير المرغوب فيه وفي حالة وجود السيادة التامة للجين.

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب Initial genotypic frequency	P^2	2pq	q^2	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي Fitness	1	1	1-s	
تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب	P^2	2pq	$q^2(1-s)$	$1-sq^2$

من الجدول رقم (٥, ٤) يتضح أن مجموع ما تساهم به التراكيب الوراثية في النسل بعد جيل من الانتخاب يكون :

$$p^2 + 2pq + q^2(1-s) = p^2 + 2pq + q^2 - sq^2 = 1-sq^2$$

ويتضح الآن أن مجموع ما تساهم به التراكيب الوراثية بعد الانتخاب والذي قيمته تساوي $1-sq^2$ ومن ثم لا تساوي الواحد الصحيح نتيجة حدوث نقص نسبي مقداره sq^2 وذلك بسبب الانتخاب. أي نتيجة استبعاد الأفراد ذات التركيب الوراثي aa بنسبة استبعاد تساوي s وعلى ذلك يكون التكرار الجيني بعد جيل واحد من الانتخاب (q_1) هو :

$$q_1 = \frac{q^2(1-s) + pq}{1-sq^2}$$

$$q_1 = \frac{q - sq_2}{1-sq_2} \qquad \text{.................. (٥, ١٥)}$$

ويكون معدل التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب (Δq) هو عبارة عن الفرق بين تكرار الجين قبل الانتخاب وبعده :

$$\Delta q = q_1 - q =$$

$$\Delta q = \frac{q - sq^2}{1-sq^2} - q$$

وبتوحيد المقامات نجد أن :

$$\Delta q = \frac{q - sq^2 - q + sq^3}{1 - sq^2}$$

$$\Delta q = \frac{-sq^2 + sq^3}{1 - sq^2}$$

$$\Delta q = \frac{-sq^2 + sq^3}{1 - sq^2}$$

$$\Delta q = \frac{-sq^2 (1-q)}{1 - sq^2} \quad \text{.................. (٥,١٦)}$$

يتضح مما سبق أن مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب يعتمد على مقدار تكرار الجين في العشيرة قبل الانتخاب (q)، وعلى شدة الانتخاب (s). ويمكن أن نعبر عن قيمة s بأنها نسبة التراكيب الوراثية التي استبعدت وراثيا بواسطة الانتخاب، كما يمكن القول أن معدل التناسل للتركيب الوراثي aa أصبح محددا وبمقدار (1-s). أي أن (1-s) هو مقدار أو نسبة ما يساهم به التركيب الوراثي (aa) في أفراد الجيل التالي بعد إجراء الانتخاب.

مثال محلول : احسب التغير في مقدار q إذا علمت أن p = ٠,٣ ، s = ٠,٠١ مع ملاحظة أن A سائدة سيادة تامة على a.

الحل

تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب :

$q_a = 0.7$ $\quad p_A = 0.3$

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب قبل الانتخاب	0.09	0.42	0.49	1.0

معدل التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب :

$$\Delta q = \frac{-sq^2(1-q)}{1-sq^2}$$

$$\Delta q = \frac{-(0.01)(0.7)^2(1-0.7)}{1-(0.01)(0.7)^2} = -0.0015$$

أي أن تكرار الجين a بعد جيل من الانتخاب سيصبح :

$$q_a = 0.7 - 0.0015 = 0.6985$$

وأن قيمة تكرار الجين A بعد جيل من الانتخاب تصبح :

$$p_A = 1 - 0.6985 = 0.3015$$

ومن ثم فإن تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب يكون :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب بعد جيل من الانتخاب	$p^2 = (0.3015)^2 = 0.091$	$2pq = 2(0.3015)(0.6985) = 0.421$	$q^2 = (0.6985)^2 = 0.488$	1.0

تمرين : احسب التغير في مقدار q إذا علمت أن p = ٤, ٠ ، s = ٢, ٠ مع ملاحظة أن A سائدة سيادة تامة على a والانتخاب ضد الجين السائد A ، ثم احسب تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب ؟

هذا ويمكن تلخيص مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب في الجدول رقم (٥, ٥) وذلك في حالات السيادة التالية :

١- غياب السيادة (أثر الجين تجمعي) والانتخاب ضد الجين المتنحي a .

٢- وجود السيادة التامة والانتخاب ضد الجين المتنحي a لصالح الجين A.

٣- وجود السيادة التامة والانتخاب ضد الجين A لصالح الجين a.

الجدول رقم (٥, ٥). مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب في حالات غياب السيادة ووجود السيادة التامة.

حالة السيادة والانتخاب	تكرارات التراكيب الوراثية قبل الانتخاب ونسبة ما تساهم به هذه التراكيب في نسل الجيل التالي AA Aa aa P^2 2pq q^2	مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب $\Delta q = q_1 - q$	تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب $q_1 = q + \Delta q$
حالة غياب السيادة (أثر الجين تجمعي) والانتخاب ضد الجين المتنحي a	1 1- ½s 1-s	$\Delta q = \frac{-\frac{1}{2} sq (1 - q)}{1 - sq}$	$q_1 = \frac{q - \frac{1}{2} sq - \frac{1}{2} sq^2}{1 - sq}$
حالة وجود سيادة تامة والانتخاب ضد الجين المتنحي a لصالح الجين A	1 1 1-s	$\Delta q = \frac{-sq^2 (1 - q)}{1 - sq^2}$	$q_1 = \frac{q - sq^2}{1 - sq^2}$
حالة وجود سيادة تامة والانتخاب ضد الجين السائد A لصالح الجين a	1-s 1 1	$\Delta q = + \frac{sq^2 (1 - q)}{1 - s(1 - q^2)}$	$q_1 = \frac{q - sq + sq^2}{1 - s(1 - q^2)}$

(٥, ٢, ٣, ٥) الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة Selection in favour of heterozygotes

إذا كانت الأفراد ذات التراكيب الوراثية الخليطة(Aa) أكثر تفوقاً أو أعلى إنتاجاً من التركيبين الوراثيين النقيين في العشيرة (AA ، aa) وتسمى هذه الحالة فوق السيادة Over-dominance. فالانتخاب هنا يكون لصالح الأفراد الخليطة وضد

الأفراد النقية، وفي هذه الحالة يصل تكرار الجين إلى قيمة اتزان ثابتة بدلا من أن يصل إلى الصفر أو الواحد الصحيح . فإذا فرض أن (S_1) هي شدة الانتخاب ضد التراكيب الوراثي (AA) وأن (S_2) هي شدة الانتخاب ضد التركيب الوراثي (aa) وأن الأفراد ذات التركيب الوراثي الخليط (Aa) تستبقى جميعها في العشيرة. بالتالي فإن الجدول رقم (٥, ٦) يبين تكرارات التراكيب الوراثية في العشيرة بعد جيل من الانتخاب والتزاوج العشوائي.

الجدول رقم (٥, ٦). تكرارات التراكيب الوراثية في العشيرة بعد جيل من الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة ضد التراكيب الوراثية النقية (حالة فوق السيادة).

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	**Total**
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب	p^2	2pq	q^2	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	$1- S_1$	1	$1 – S_2$	
تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب	$p^2(1 – S_1)$	2pq	$q^2 (1- S_2)$	$1- S_1p^2 – S_2q^2$

من الجدول رقم (٥, ٦) يتضح أن مجموع ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي هو :

$$p^2(1-S_1) + 2pq + q^2(1-S_2)$$
$$= p^2-S_1p^2+2pq+q^2-S_2q^2$$
$$= p^2+2pq+q^2-S_1p^2-S_2q^2 =1-S_1p^2-S_2q^2$$

ويكون تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب كالآتي:

$$q_1= [q^2(1-S_2) + pq] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]$$
$$= [q^2(1-S_2) + q(1-q)] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]$$
$$= [q^2 - S_2q^2 + p – q^2] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]$$
$$= [q - S_2q^2] / 1- S_1p^2 -S_2q^2$$

$$q1= [q (1- S_2q)] / [1- S_1p^2 -S_2q^2] \quad .... (٥, ١٧)$$

وبالتالي يكون مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل من الانتخاب كالتالي :

$$\Delta q = q_1 - q = \{[q (1- S_2q^2)] / [1- S_1p^2 - S_2q^2]\} - q$$
$$= [q - S_2q^2 - q + S_1p^2q + S_2q^3)] / [1- S_1p^2 - S_2q^2]$$
$$= [q - S_2q^2 - q + S_1p^2q + S_2q^3)] / [1- S_1p^2 - S_2q^2]$$
$$= [S1p^2q - S_2q^2(1- q)] / [1- S_1p^2 - S_2q^2]$$
$$= [S_1p^2q - S_2pq^2] / [1- S_1p^2 - S_2q^2]$$

$$\mathbf{\Delta q = [pq(S_1p - S2q)] / [1- S_1p^2 - S_2q^2]} \quad ....\ (٥ , ١٨)$$

ومن هذه المعادلة يمكن ملاحظة أن تكرار الجين بعد الانتخاب (q_1) يمكن أن يرتفع أو ينخفض تباعاً فيما إذا كانت القيمة (S_1P) أكبر أو أقل من القيمة (S_2q). كما يمكن أيضا ملاحظة أن مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) يساوي صفراً ($\Delta q = 0.0$) عندما تكون$S_1P = S_2q$. وعلى ذلك يكون تكرار الجين عند نقطة الاتزان :

$$P_E = \frac{S_2}{S_1 + S_2}$$

$$q_E = \frac{S1}{S_1 + S_2}$$

يلاحظ أن قيمة تكرار الجين عند نقطة الاتزان مستقلة تماما ولا تعتمد على قيمة تكرار الجين قبل الانتخاب Initial genotypic frequency، وبالتالي فإن قيمة تكرار الجين عند نقطة الاتزان تعتمد على أو تتحدد بشدة الانتخاب ضد التراكيب الوراثية النقية (S_2, S_1)، وأن S_1، S_2 هي قيم ثابتة فتكون نقطة الاتزان ثابتة أيضا. كما يمكن ملاحظة أن انحراف تكرار الجين عن تكرار الجين عند نقطة الاتزان عند أي جيل من أجيال الانتخاب ($q-q_E$) يساوي :

$$q - q_E = q - (S_1/S_1+S_2) = [q(S_1+S_2) - S_1]/ (S_1+S_2)$$

كما أن حاصل ضرب قيمة ($q-q_E$) في مجموع شدة الانتخاب (S_1+S_2) هو :

$$q - q_E(S_1 + S_2) = q(S_1+S_2) - S_1$$

وبالتعويض عن قيمة p=1-q في بسط معادلة حساب التغير في التكرار الجيني (Δq) السابقة فإن قيمة Δq بعد جيل من الانتخاب تصبح في الصورة التالية :

$$\Delta q = [pq(S_1p - S_2q)] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]$$
$$= pq[S1(1-q) - S_2q)] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]$$
$$= pq[S_1 - S_1q - S_2q] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]$$

(٥ , ١٩) .... $\mathbf{\Delta q = pq[S_1 - q(S_1 + S_2)] / [1- S_1p^2 -S_2q^2]}$

مثال محلول : إذا فرض أن هناك عشيرة ما تتزاوج عشوائيا وأن شدة الانتخاب في كل جيل ضد الأفراد التي تحمل التركيب AA تساوي ٦٠٪ (أي $S_2 = 0.6$) وأن شدة الانتخاب ضد الأفراد aa تساوي ٤٠ ٪ (أي $S_2 = 0.4$) فيكون تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين (Δq) وتكرار التراكيب الوراثية في العشيرة بعد ١٥ جيلا من الانتخاب ضد الأفراد النقية كالآتي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	49	42	9	100
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب	0.49	0.42	0.09	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	1- 0.6 = 0.4	1	1 – 0.4 = 0.6	
تكرار التراكيب الوراثية بعد الانتخاب	$p^2(1- S_1) = 0.196$	2pq = 0.42	.$q^2 (1- S_2) =$ 0.054	0.67

وعليه فإن التكرار الجيني الأول قبل الانتخاب يكون :

$q_o = 0.3$ $\quad$ $P_o = 0.7$

وتكرار الجين بعد الجيل الأول من الانتخاب :

$q_1 = [q(1 - S_2 q)] / [1 - S_1 p^2 - S_2 q^2]$

$= [0.3(1 - 0.4)(0.3)] / 0.67 = 0.394$

$P_1 = 1 - q_1 = 1 - 0.394 = 0.606$

وأن مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل من الانتخاب هو :

$\Delta q_1 = q_1 - q_o = 0.394 – 0.3 = 0.094$

$\Delta p_1 = p_1 – p_o = 0.606 - 0.7 = - 0.094$

مما سبق يمكن حساب تكرار التراكيب الوراثية في الجيل الأول بعد الانتخاب كالتالي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية بعد الجيل الأول من الانتخاب والتزاوج عشوائيا	0.3672	0.4775	0.1552	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	1- 0.6	1	1 – 0.4	
تكرار التراكيب الوراثية بعد الانتخاب	$p^2(1 – S_1) =$ 0.1469	2pq = 0.4775	$q^2 (1 - S_2) =$ 0.0931	0.7175

وتكرار الجين بعد الجيل الثاني من الانتخاب :

$q_2 = [0.394(1 - 0.4)(0.394)] / 0.7175 = 0.4625$

$p_2 = 1 - q_2 = 0.5375$

ويكون مقدار التغير في تكرار الجين بعد الجيل الثاني من الانتخاب (Δq_2) هو :

$\Delta q_2 = q_2 – q_1 = 0.4625 – 0.3940 = 0.0685$

وبالأسلوب السابق نفسه يمكن حساب تكرار الجين للأجيال التالية حتى نصل إلى الجيل الخامس عشر والذي يمكن توضيحه في الجدول رقم (٥,٧). ويوضح الشكل رقم (٥,١) والشكل رقم (٥,٢) أثر الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة على التكرار الجيني وتكرار التراكيب الوراثية بالعشيرة.

الجدول رقم (٥,٧). تأثير الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة على تكرار الجين ومقدار التغير في تكرار الجين (Δq) وتكرار التراكيب الوراثية في كل جيل من أجيال الانتخاب حيث $S_2 = 0.4$ ، $S_1 = 0.6$.

أجيال الانتخاب	تكرار الجين		Δq	تكرار التراكيب الوراثية		
	P	q		AA	Aa	aa
Zero	0.7	0.3		0.49	0.42	0.09
1	0.6060	0.3940	0.0940	0.3672	0.4775	0.1552
2	0.5375	0.4625	0.0685	0.2889	0.4972	0.2109
3	0.4914	0.5086	0.0461	0.2587	0.4999	0.2413
4	0.4585	0.5415	0.0329	0.2102	0.4966	0.2932
5	0.4393	0.5607	0.0192	0.1930	0.4926	0.3140
6	0.4266	0.5734	0.0127	0.1820	0.4892	0.3288
7	0.4180	0.5820	0.0086	0.1747	0.4866	0.3387
8	0.4123	0.5877	0.0057	0.1700	0.4846	0.3454
9	0.4083	0.5917	0.0040	0.1667	0.4832	0.3501
10	0.4057	0.5943	0.0026	0.1646	0.4822	0.3532
11	0.4039	0.5961	0.0018	0.1631	0.4815	0.3553
12	0.4026	0.5974	0.0013	0.1621	0.4810	0.3569
13	0.4018	0.5982	0.0008	0.1614	0.4807	0.3578
14	0.4012	0.5988	0.0006	0.1610	0.4805	0.3586
15	0.4008	0.5992	0.0004	0.1606	0.4803	0.3590

تكرار الجين عند نقطة الاتزان هو :

$$p_E = S_2 / (S_1 + S_2) = 0.4 / (0.6 + 0.4) = 0.4$$

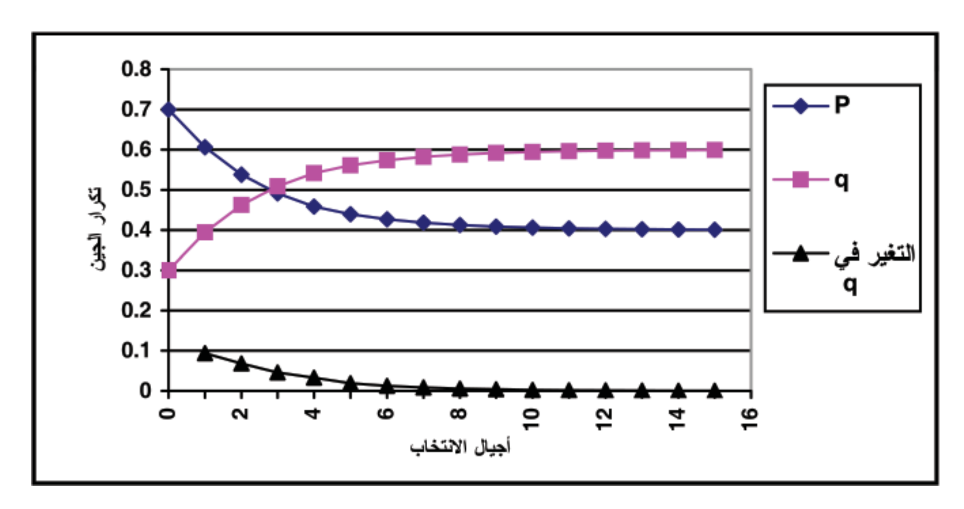
$$q_E = S_1 / (S_1 + S_2) = 0.6 / (0.6 + 0.4) = 0.6$$

يلاحظ هنا أننا وصلنا إلى نقطة الاتزان عند الجيل العاشر حيث $P = 0.4$، $q = 0.6$ تقريباً وأن مقدار التغير في تكرار الجين $\Delta q = 0.0$ تقريبا وبالتالي يكون :

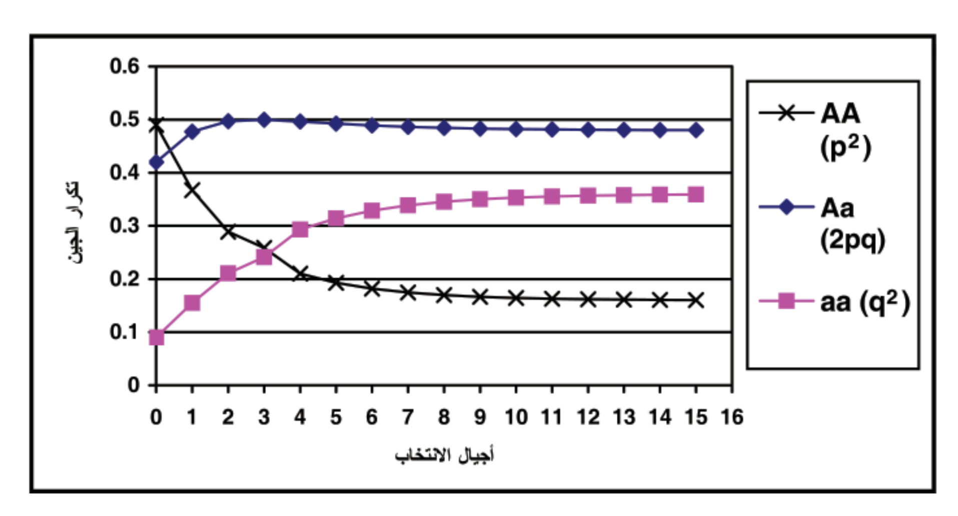
$$S_1 p = S_2 q$$

$$\therefore\ 0.6(0.4008) = 0.4(0.599)$$

$$\therefore 0.2405 \cong 0.2397$$



الشكل رقم (١ , ٥). معدل التغير في تكرار الجين بعد إجراء ١٥ جيل من الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة وعندما تكون S1= 0.6 ، S2= 0.4 في كل جيل من الانتخاب.



الشكل رقم(٢ , ٥). معدل التغير في تكرار التراكيب الوراثية بعد إجراء ١٥ جيل من الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة وعندما تكون S1= 0.6 ، S2 = 0.4 في كل جيل من الانتخاب.

وعامة فعندما يكون الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة فيلاحظ من الجدول رقم (٥,٧) الشكلين رقمي (٥,١ و ٥,٢) ما يلي :

١- يتناقص تكرار الجين الأكثر تكراراً بينما يتزايد تكرار الجين الأقل تكراراً بصورة واضحة في الأجيال الأولى من الانتخاب حتى يصل كل منهما الى نقطة الاتزان والتي بعدها يظل تكرار الجين ثابت تقريبا. وفي مثالنا السابق يلاحظ أن تكرار الجين عند الجيل العاشر من الانتخاب يصل إلى نقطة الاتزان تقريبا حيث إن :

$$q_E = 0.5943 \qquad ، \ p_E = 0.4057$$

٢- لا يصل تكرار الجين إلى الصفر أو الواحد الصحيح ، بل يصل إلى نقطة إتزان والتي عندها يكون مقدار التغير في تكرار الجين يساوي صفراً، أي أن : $\Delta q = 0.0$ وفي مثالنا السابق نجد $\Delta q = 0.026$ عند الجيل العاشر من الانتخاب. وهنا تنعدم كفاءة الانتخاب في إحداث أي تغير ملحوظ في تكرار الجين، وعلى ذلك تكون : $S_1P = S_2q$، وبالتالي فإن أليلات الموقع الواحد تظل في حالة اتزان ثابتة ويطلق عليها Balanced Polymorphism. وهذه الحالة لها أهميتها الكبيرة في تطور الأنواع والسلالات وحفظها من الاندثار.

٣- يكون تكرار الجين عند نقطة الاتزان ثابتاً ولا يعتمد على تكرار الجين في العشيرة قبل الانتخاب (الجيل الابتدائي)، بل يتحدد بشدة الانتخاب فقط. أي :

$$p_E = S_2 / (S_1 + S_2) \qquad q_E = S_1 / (S_1 + S_2)$$

٤- يتناقص تكرار التراكيب الوراثية النقية للجين الأكثر تكرار (AA) ، بينما يتزايد تكرار التراكيب الوراثية النقية للجين الأقل تكراراً (aa) بصورة ملحوظة في الأجيال الأولى من الانتخاب حتى يصل كل منهما إلى نقطة الاتزان والتي بعدها يكون مقدار التغير غير محسوس أو غير ملحوظ. وفي مثالنا السابق يلاحظ أن تكرار التراكيب الوراثية عند الجيل العاشر من الانتخاب تصل إلى نقطة الاتزان حيث إن :

$$P_2 = 0.1646 \qquad ، q_2 = 0.3532$$

٥- يكون مقدار التزايد في تكرار التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) بطيئا ثم يتناقص تدريجيا وبصورة بطيئة أيضاَ حتى يصل إلى نقطة الاتزان نفسها والتي بعدها تقل كثيراً أو تنعدم كفاءة الانتخاب. ويتضح ذلك في المثال السابق في الجيل العاشر حيث تكون: $2Pq = 0.4822$.

٦- تظل التراكيب الوراثية الثلاثة منتشرة في العشيرة ولكن بنسب مختلفة ولا يستبعد أي منها بفعل الانتخاب، أي لا يصل تكرار أحد من التراكيب الوراثية إلى الصفر أو الواحد الصحيح، بل يأخذ كل منها تكراره عند نقطة الاتزان والتي يثبت عليها تكرار التراكيب الوراثية وتصبح العشيرة متزنة.

(٦, ٣, ٢, ٥) الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة Selection against heterozygotes

إذا كان الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) فالأمر يختلف تماما عن حالة الانتخاب لصالحها. لنفرض أن نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل الثاني Fitness هي 1، 1-s، 1 للتراكيب الوراثية AA، Aa، aa على التوالي في عشيرة تتزاوج عشوائياً فيكون تكرار التراكيب الوراثية في العشيرة بعد جيل واحد من الانتخاب كما هو موضح بالجدول رقم (٨ ,٥).

الجدول رقم (٨ ,٥). تكرارات التراكيب الوراثية في العشيرة بعد جيل من الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة لصالح التراكيب الوراثية النقية

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب	p^2	2pq	q^2	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	1	1-s	1	
تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل من الانتخاب	p^2	2pq(1-s)	q^2	1- 2spq

إذ أن مجموع ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي بعد الانتخاب هو :

$$p^2 + 2pq(1-s) + q^2 = p^2 + 2pq - 2spq + q^2$$
$$= p^2 + 2pq + q^2 - 2spq = 1 - 2spq$$

ويكون تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب كالآتي :

$$q_1= [q^2 + pq - spq] / [1- 2spq] = [q^2 + q(1-q) - spq] / [1- 2spq]$$

$$= [q^2 + q – q^2- spq] / [1- 2spq] = [q - spq] / [1- 2spq]$$

$$\therefore q_1= q (1- sp) / (1- 2spq) \quad \text{............... (٥ , ٢٠)}$$

وبالتالي يكون مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل من الانتخاب كالتالي :

$$\Delta q = q_1 – q = \{[(q - spq) / (1- 2spq)] – q \}$$

$$= [q - spq – q(1- 2spq)] / (1- 2spq)$$

$$= [q - spq – q + 2spq^2)] / (1- 2spq)$$

$$= [spq (2q –1)] / (1- 2spq)$$

$$\therefore \Delta q = [spq (2q –1)] / (1- 2spq) \quad \text{............ (٥ , ٢١)}$$

مثال محلول : إذا فرض أن هناك عشيرة ما تتزاوج عشوائياً وأن شدة الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) تساوي ٦٠ ٪ في كل جيل من أجيال الانتخاب، فيكون تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين ($q\Delta$) وتكرار التراكيب الوراثية في العشيرة بعد عشرة أجيال من الانتخاب كالآتي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	49	42	9	100
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب	0.49	0.42	0.09	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	1	1- 0.6 = 0.4	1	
تكرار التراكيب الوراثية بعد الانتخاب	p^2= 0.49	2pq(1-s)= 0.168	q^2 = 0.09	0.748

P_o= 0.7 q_o = 0.3

ويكون تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب كالآتي :

$q_1 = q\ (1- sp)\ /\ (1- 2spq)$
$= 0.3[1 – (0.6)(0.7)]/[1 – 2(0.6)(0.7)(0.3)] = 0.2326$
$\therefore\ p_1 = 1- q_1 = 0.7674$

وبالتالي يكون مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل من الانتخاب كالتالي :

$\Delta q_1 = q_1 - q = 0.2326 – 0.3 = -0.0674$

ومما سبق يمكن حساب تكرار التراكيب الوراثية في الجيل الأول من الانتخاب كالتالي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
عدد الأفراد	49	42	9	100
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب	0.5889	0.3570	0.0541	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	1	1- 0.6 = 0.4	1	
تكرار التراكيب الوراثية بعد الانتخاب	$p^2= 0.5889$	$2pq(1-s)=$ 0.1428	$q^2 = 0.0541$	0.7858

وتكرار الجين بعد الجيل الثاني من الانتخاب :

$q_2 = 0.2326[1- (0.6)(0.7674)]\ /\ [1- 2(0.0.6)(0.7674)(0.2326)] = 0.1597$

$\therefore p_2 = 1 – q_2 = 0.8403$

ويكون مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد الجيل الثاني من الانتخاب هو :

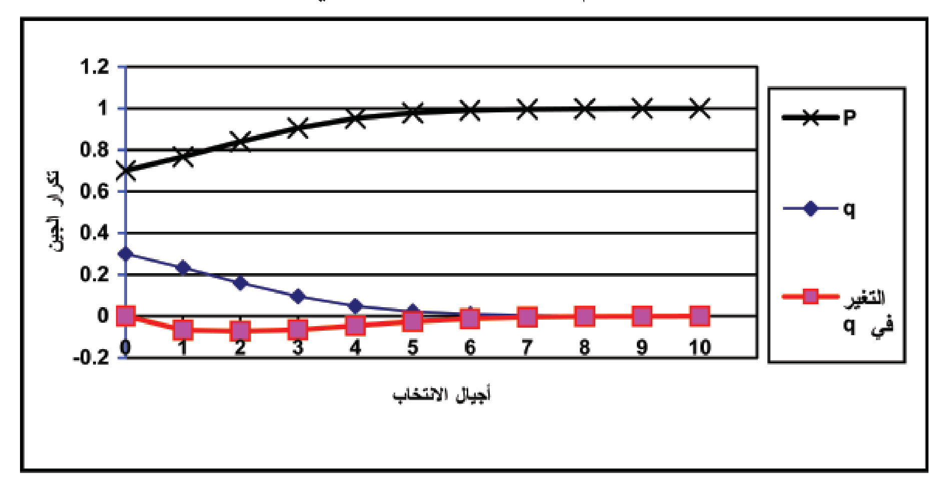
$\Delta q_2 = q_2 - q_1$
$\Delta q_2 = 0.1597 - 0.2326 = -0.0729$

وهكذا وبالأسلوب السابق نفسه يلاحظ أن تكرار الجين يتغير من جيل إلى جيل آخر بفعل الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة. ويمكن توضيح ذلك في الجدول رقم (٩ , ٥). ويمكن توضيح تأثير الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة على تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني من الشكلين رقمي (٣ , ٥ , ٤ , ٥).

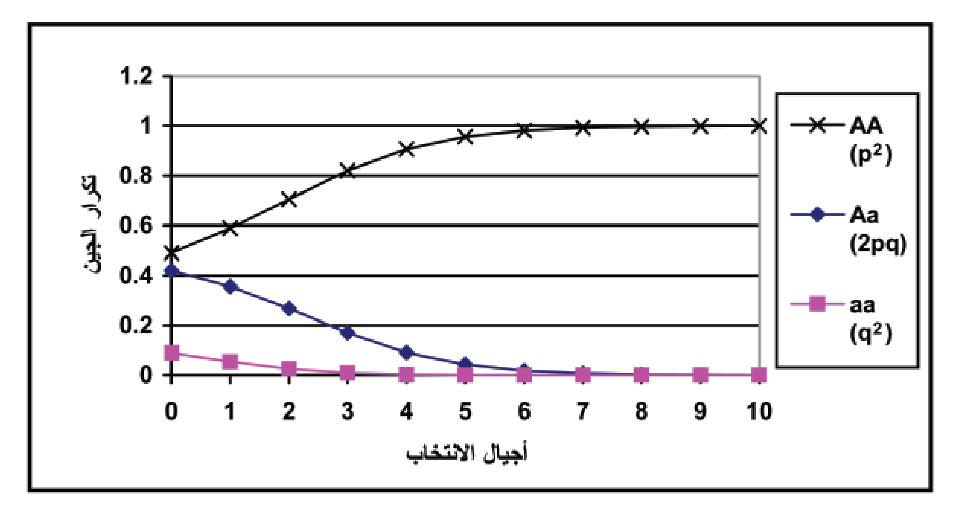
الجدول رقم (٩, ٥). تأثير الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة على تكرار الجين ومقدار التغير في تكرار الجين (Δq) وتكرار التراكيب الوراثية في كل جيل من أجيال الانتخاب حيث S= 0.6.

أجيال الانتخاب	تكرار الجين		Δq	تكرار التراكيب الوراثية		
	P	q		AA	Aa	aa
Zero	0.7	0.3		0.49	0.42	0.09
1	0.7674	0.2326	-0.0674	0.5889	0.3570	0.0541
2	0.8403	0.1597	-0.0729	0.7061	0.2684	0.0255
3	0.9056	0.0944	-0.0653	0.8201	0.1710	0.0089
4	0.9520	0.0480	-0.0464	0.9063	0.0914	0.0023
5	0.9782	0.0218	-0.0264	0.9569	0.0426	0.0005
6	0.9908	0.0092	-0.0126	0.9817	0.0182	0.0001
7	0.9962	0.0038	-0.0054	0.9924	0.00757	0.00003
8	0.9985	0.0015	-0.0023	0.9970	0.0029955	0.000004
9	0.9994	0.0006	-0.0009	0.9988	0.0011992	0.0000006
10	0.9998	0.0002	-0.0004	0.9996	0.0003999	0.0000001

يلاحظ من الجدول رقم (٩, ٥) والشكلين رقمي (٣, ٥ و ٤, ٥) الآتي :



الشكل رقم (٣, ٥). تكرار الجين ومعدل التغير فيه بعد إجراء عشرة أجيال من الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة وعندما تكون شدة الانتخاب = ٠,٦ في كل جيل من الانتخاب.



الشكل رقم (٤ ,٥). معدل التغير في تكرار التراكيب الوراثية بعد إجراء عشرة أجيال من الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة وعندما تكون شدة الانتخاب = ٠,٦ في كل جيل من الانتخاب.

١- في الجيل الابتدائي ينخفض تكرار الجين a الأقل تكراراً جيل بعد آخر من أجيال الانتخاب حتى يصل إلى الصفر، بينما يرتفع تكرار الجين A الأكثر تكراراً جيلا بعد آخر حتى يصل إلى الواحد الصحيح.

٢- ينخفض تكرار التراكيب الوراثية النقية (aa) للجين الأقل تكراراً (a) وكذلك تكرار التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) جيلا بعد آخر حتى تصل نسبة كل منهما في العشيرة إلى الصفر ، بينما يرتفع تكرار التراكيب الوراثية النقية (AA) للجين الأكثر تكراراً (A) جيلا بعد آخر حتى تصل نسبتها إلى الواحد الصحيح أو ١٠٠ ٪ . أي أن الأفراد النقية (aa) والأخرى الخليطة (Aa) قد استبعدت تماما من العشيرة وأصبحت جميع أفراد العشيرة نقية للتركيب الوراثي (AA) وذلك بفعل الانتخاب ضد التراكب الوراثية الخليطة.

٣- ينخفض بالسالب مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) جيلاً بعد آخر حتى يصل إلى الصفر وذلك عندما يصل تكرار الجين a الأقل تكراراً إلى الصفر والجين A الأكثر تكراراً إلى الواحد الصحيح.

مثال محلول : في عشيرة ما تتزاوج عشوائيا وجد أن شدة الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) تساوي ٦٠ ٪ (أي $S = 0.6$) في كل جيل من أجيال الانتخاب، فيكون تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين (Δq)، وكذلك تكرار التراكيب الوراثية في العشيرة بعد جيل واحد من الانتخاب كالتالي :

التراكيب الوراثية	**AA**	**Aa**	**aa**	**Total**
عدد الأفراد	25	50	25	100
تكرار التراكيب الوراثية قبل الانتخاب	0.25	0.50	0.25	1.0
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية في نسل الجيل التالي	1	$1 - 0.6 = 0.4$	1	
تكرار التراكيب الوراثية بعد الانتخاب	$p^2 = 0.25$	2pq $(1-s) = 0.20$	$q^2 = 0.25$	0.7

$$P_o = q_o = 0.5$$

تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب ضد (Aa) يكون :

$$q_1 = q\,(1 - sp) / (1 - 2spq)$$
$$= 0.5[1 - (0.6)(0.5)] / [1 - 2(0.6)(0.5)(0.5)] = 0.5$$
$$p_1 = 1 - q_1 = 1 - 0.5 = 0.5$$

∴ تكرار التراكيب الوراثية بعد جيل واحد من الانتخاب ضد (Aa) يكون :

AA	Aa	aa
0.25	0.50	0.25

ويكون مقدار التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب ضد (Aa) يكون :

$$\Delta q = q_1 - q_2 = 0.5 - 0.5 = \text{Zero}$$

يلاحظ أنه إذا كان تكرار الجين في الجيل الأصلي قبل الانتخاب يساوي ٠,٥ (أي أن $P_o = q_o = 0.5$) فإن الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) لن يغير إطلاقا من كل من تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية ، بل يظل تكرار الجين ثابتاً جيلاً بعد آخر من أجيال الانتخاب، وبالتالي فإن الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة في هذه الحالة لن يكون ذات فاعلية تذكر في أن يحدث أي تغير في تكرار الجين، وبالتالي فإن تكرارات التراكيب الوراثية في العشيرة التي تتزاوج عشوائياً تبقى ثابتة لا تتغير . هذا ويمكن تلخيص مقدار التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب Δq وذلك في حالات السيادة الفائقة Over-dominance في الجدول رقم (١٠ , ٥).

الجدول رقم (١٠ ,٥). مقدار التغير في تكرار الجين (Δq) بعد جيل واحد من الانتخاب في حالات السيادة الفائقة.

حالة الانتخاب	تكرارات التراكيب الوراثية قبل الانتخاب ونسبة ما تساهم به هذه التراكيب في نسل الجيل التالي AA Aa aa p^2 $2pq$ q^2	مقدار التغير في تكرار الجين Δq بعد جيل واحد من الانتخاب $\Delta q = q_1 - q$	تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب $q_1 = q + \Delta q$
وجود سيادة فائقة Over-dominance والانتخاب ضد AA، aa	$1-s_1$ 1 $1-s_2$	$[pq(s_1p-s_2q)]/[1-s_1p^2-s_2q^2]$	$(q-s_2q^2)/[1-s_1p^2-s_2q^2]$ or $[q(1-s_2q)]/[1-s_1p^2-s_2q^2]$
وجود سيادة فائقة Over-dominance والانتخاب ضد Aa.	1 $1-s$ 1	$spq(2q-1)/(1-2spq)$	$q(1-sp)/(1-2spq)$

التوازن بين الانتخاب والطفرة بالعشيرة التي تحكمها الجينات الجسمية

(٦,١) العلاقة بين تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين ودرجة السيادة في حالة موقع جيني واحد:

أحيانا يطلق على هذه العلاقة كفاءة الانتخاب Efficiency of selection . هذا وقد أتضح من الحالات الثلاثة بالفصل السابق أن للانتخاب أثرا كبيرا على إحداث تغير ملحوظ في تكرار الجين ولكن كفاءة الانتخاب لإحداث تغير ما في تكرار الجين تعتمد كلية على قيمة تكرار الجين في العشرة قبل الانتخاب وعلى السلوك الوراثي للجين (أي درجة السيادة) المراد بقاؤه في العشيرة (وهو الجين المرغوب) أو استبعاده من العشيرة (وهو الجين غير المرغوب فيه).

(٦,١,١) حالة الأثر التجمعي للجين Additive Gene Effect

عندما يكون أثر الجين تجمعيا فإن تكرار هذا الجين يكون منخفضاً في العشيرة قبل الانتخاب، وبعد إجراء الانتخاب يرتفع معدل التغير في تكرار الجين (Δq) بخطوات بطيئة جيل بعد آخر من الانتخاب حتى يصل تكرار الجين في العشيرة إلى قيمة وسطية (أي q = ٥ , ٠) وبالتالي ترتفع كفاءة الانتخاب ومن ثم رفع مقدار التغير في تكرار الجين جيل بعد آخر. وعندما يرتفع تكرار الجين عن ٥ , ٠ فيبدأ انخفاض معدل التغير في تكرار الجين وبالتالي تنخفض كفاءة الانتخاب عندما يقترب تكرار الجين من الواحد

الصحيح (q=1). ويفسر ذلك أنه بانخفاض أو ارتفاع تكرار الجين فإن نسبة تكرار التراكيب الوراثية الخليطة (2pq) في العشيرة تكون منخفضة ولكن عندما يصل تكرار الجين إلى قيمة وسطية(p=q=0.5) فيرتفع بالتالي تكرار التراكيب الوراثية الخليطة وتصل إلى أعلى قيمة لها وتمثل حينئذ ٥٠ ٪ من مجموع أفراد العشيرة.

(٦,١,٢) حالة السيادة التامة لأثر الجين Complete Dominant Gene Effect

عندما يكون تكرار هذا الجين منخفضاً في العشيرة قبل الانتخاب فإن معدل التغير في تكرار الجين (q) يرتفع بعد إجراء الانتخاب وذلك بصورة ملحوظة في الأجيال الأولى من الانتخاب وبالتالي ترتفع كفاءة الانتخاب خاصة إذا ارتفعت تكرارات التراكيب الوراثية الخليطة في العشيرة. وهكذا ترتفع كفاءة الانتخاب في رفع تكرار الجين السائد إلى أن يصل إلى قيمة وسطية بعدها تقل كفاءة الانتخاب وينخفض معدل التغير في تكرار الجين جيلاً بعد آخر حتى لو احتفظ المربي بالتراكيب الوراثية الخليطة فهذا لن يرفع من كفاءة الانتخاب بعدما يصل تكرار الجين إلى ٥ , ٠ .

(٦ , ١ , ٣) حالة السيادة غير التامة لأثر الجين Incomplete Dominant Gene Effect

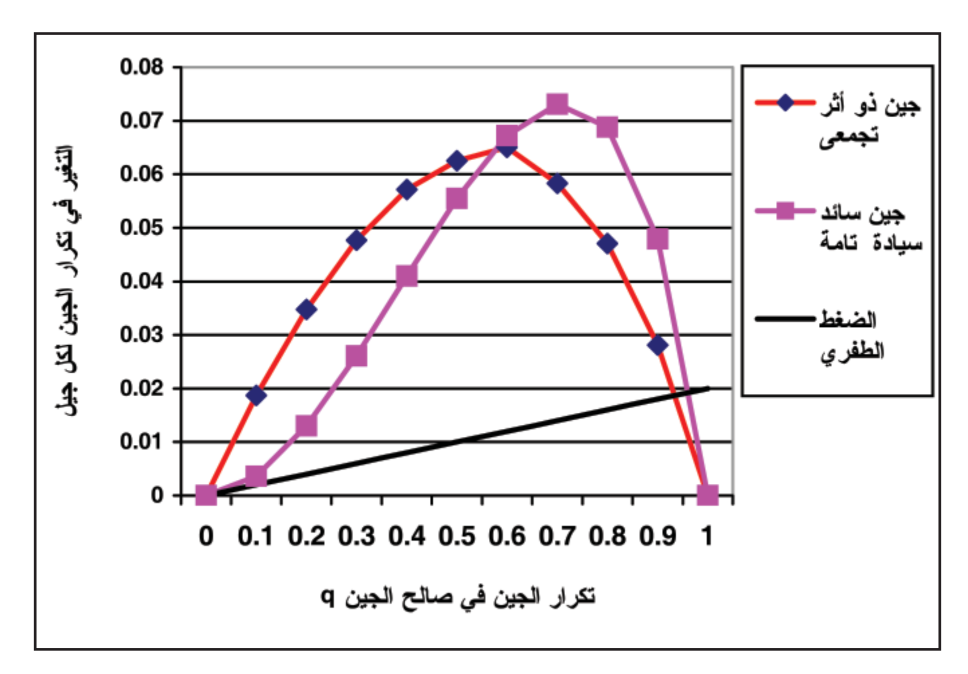
عندما يكون تكرار هذا الجين منخفضا في العشيرة قبل الانتخاب فإن معدل التغير في تكرار الجين يرتفع بعد إجراء الانتخاب ولكن بصورة ضعيفة ويرجع ذلك إلى أن معظم التراكيب الوراثية للجين المتنحي تكون ضمن التراكيب الوراثية الخليطة والتي تعمل على إخفاء وإبطال أثر الجين المتنحي تحت تأثير الجين السائد. ولكنه بعد أن يصل تكرار الجين المتنحي إلى قيمة وسطية ترتفع كثيراً كفاءة الانتخاب ويرتفع بالتالي معدل التغير في تكرار الجين، ثم تبدأ كفاءة الانتخاب في الانخفاض كلما قرب تكرار الجين المتنحي من الواحد الصحيح.

والجدول رقم (١ , ٦) يوضح العلاقة بين تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين (Δq) تبعا لدرجة السيادة (h) بفرض أن شدة الانتخاب تساوي ٤ , ٠ .

الجدول رقم (١ ,٦). العلاقة بين تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين (Δq) درجة السيادة (h) في حالة موقع جيني واحد.

تكرار الجين المتنحي (q)	جين ذو أثر تجمعي (h=0.5)	جين سائد سيادة تامة (h=0)	جين متنحي الأثر (h=1)
	$\Delta q = \frac{-\frac{1}{2} sq\,(1-q)}{1-sq}$	$\Delta q = \frac{-sq^2\,(1-q)}{1-sq^2}$	$\Delta q = \frac{-spq[q+h(p-q)]}{1-2hspq-sq^2}$
0.0	0.00	0.00	0.00
0.1	0.0187	0.0036	0.0350
0.2	0.0348	0.0130	0.0598
0.3	0.0477	0.0261	0.0738
0.4	0.05714	0.0410	0.0774
0.5	0.0625	0.0555	0.0714
0.6	0.065	0.0672	-0.0298
0.7	0.05833	0.0731	-0.0528
0.8	0.04705	0.0688	-0.0623
0.9	0.02812	0.0479	-0.0476
1.0	0.000	0.000	0.000

والشكل رقم (١ ,٦) يوضح العلاقة بين تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين Δq ودرجة السيادة (h)، ويمثل المحور السيني تكرار الجين (q) والمحور الصادي التغير في تكرار الجين (Δq) في أول جيل من الانتخاب، هذا مع تثبيت شدة الانتخاب في جميع الأحوال.



الشكل رقم (٦,١). العلاقة بين تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين ودرجة السيادة في حالة موقع جيني واحد.

ومن الشكل رقم (٦,١) يتضح ما يلي :

١- التحسين يكون أسرع بوجه عام حول تكرار الجين المتوسط أي من ٠,٣-٠,٧ تقريبا.

٢- إذا كان الانتخاب لجين سائد فإن التحسين يكون سريعاً في أول الأمر ثم يكون بطيئا عندما يزداد تكرار هذا الجين والعكس صحيح إذا كان الانتخاب لجين متنحي.

(٦,٢) التوازن بين الانتخاب والطفرة

(٦,٢,١) حالات التوازن بين الانتخاب والطفرة

عندما جرى الحديث عن الانتخاب كان من الممكن التصور أن استمرار الانتخاب لأحد الجينات جيلاً بعد آخر وفي الاتجاه ذاته من شأنه أن يصل بتكرار الجين إلى الواحد الصحيح. ولكن عوامل أخرى تحول دون ذلك. ومن هذه العوامل

الطفرات فكلما زاد تكرار جين زاد عدده وكذا زاد عدد الجينات التي تحدث لها طفرات والوقت الذي يتساوي فيه أثر الانتخاب مع أثر الطفرة في الاتجاه المضاد تكون العشيرة قد وصلت إلى حالة اتزان بين الانتخاب والطفرة. وعدم الوصول إلى التماثل التام Complete homozygosity من شأنه أن يحفظ للعشيرة جينات قد تكون غير مرغوبة في وقت ما، ولكن بتغير بعض الظروف قد تصبح مرغوبة.

وفي الشكل رقم (١ , ٦) يمثل الخط المستقيم أسفل المنحنيات الضغط الطفري ويسمى Mutation pressure والذي يزداد بزيادة q وتحدث حالة الاتزان عند نقطة التقاء هذا الخط مع المنحنيات. وتحدث نقط الاتزان هذه في الحالات التالية :

١ – عندما يكون الانتخاب للمتنحي التام $(h=1) \rightarrow q = u/s$.

٢– عندما يكون الانتخاب لجين لا يوجد بينه وبين أليله سيادة، أي في حالة انعدام السيادة التامة $(h = 0.5)$.

٣– عندما يكون الانتخاب لجين سائد سيادة تامة على أليله $(h = 0.0)$:

$$q = \sqrt{\frac{u}{s}} \quad \text{..............................} (٦ , ١)$$

حيث إن u هي معدل الطفرة ، s هي شدة الانتخاب.

(٦ , ٢ , ٢) أمثلة محلوله لتوضيح التوازن بين الانتخاب والطفرة بالعشيرة

مثال محلول رقم (١) : عشيرة ما يكون الجين A مرغوب فيه وسائد سيادة تامة وإذا علمت أن s = ٠ , ١٦ ومعدل الطفرة هو ١x١٠^-٦^ فما هو تكرار الجين عند حالة الاتزان بين الانتخاب والطفرة ؟

الحل

تكرار الجين غير المرغوب فيه (a) هو :

$$q_a = \sqrt{\frac{u}{s}} = \sqrt{\frac{0.000001}{0.16}} = 0.0025$$

$$\therefore\ p = 1 - q = 1 - 0.0025 = 0.9975$$

وأخيرا ثمة عوامل أخرى بجانب الطفرة والانتخاب مثل الهجرة والمصادفة لها أثرها في تحديد تكرار الجين.

مثال محلول رقم (٢) : في عشيرة ما يكون الجين A_1 سائدة سيادة تامة على A_2 احسب التغير في مقدار q إذا علمت أن p = ٣ , ٠، s = ١ , ٠ . ثم احسب التكرار الجيني الجديد بعد جيل واحد من الانتخاب ضد الجين A_2 .

الحل

معدل التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب ضد الجين A_2 :

$$\Delta q = \frac{-sq^2(1-q)}{1-sq^2} = -\frac{(0.01)(0.49)(0.7)}{1-(0.01)(0.49)} = \frac{0.00343}{0.951} = 0.03$$

والتكرار الجيني الجديد بعد جيل واحد من الانتخاب ضد الجين A_2 :

$$q_1 = 0.03 + 0.70 = 0.73$$

مثال محلول رقم (٣): إذا علمت أن A سائدة سيادة غير تامة على a في عشيرة ما وكانت q_a =٦ , ٠ وشدة الانتخاب ٢ , ٠ فما هو مقدار التغير في q بعد جيل واحد من الانتخاب ضد الجين a.

$$\Delta q = -\frac{\frac{1}{2}sq(1-q)}{1-s(1-q)} = -\frac{(0.5)(0.2)(0.6)(0.4)}{1-(0.2)(0.4)} = 0.0245$$

أي أن تكرار الجين سيكون :

$$q_1 = 0.6 + 0.0245 = 0.6245$$

تمرين للحل : في عشيرة ما إذا علمت أن A_1 سائدة سيادة تامة على A_2 والانتخاب ضد الجين A_2 فاحسب التغير في مقدار q بعد جيل واحد من الانتخاب إذا كانت p = ٤ , ٠، وشدة الانتخاب s = ٢ , ٠.

(٦,٣) عدد الأجيال اللازمة من الانتخاب التام لتغيير تكرار الجين

(٦,٣,١) كيفية حساب عدد الأجيال اللازمة من الانتخاب لتغيير تكرار الجين غير المرغوب فيه

يمكن حساب عدد الأجيال اللازمة عندما يكون الانتخاب تاماً ضد الجين غير المرغوب فيه، ويصبح الانتخاب تاماً وأن شدته تساوي ١٠٠ ٪ (s= ١) عندما يكون الجين ذا أثر مميت Lethal effect في التركيب الوراثي النقي أو أن هذا الجين غير المرغوب فيه يعمل على تدهور في متوسط الصفة الإنتاجية. وفي مثل هذه الحالة يعمل المربي على استبعاد جميع الأفراد التي تحمل هذا الجين بصورته النقية. وبالتالي فإن هذه الحالات يكون الانتخاب فيها تاماً Complete selection ضد جميع الأفراد التي تحمل هذا الجين بحالة نقية.

والآن يراد معرفة عدد الأجيال اللازمة من الانتخاب التام لتغيير تكرار هذا الجين غير المرغوب فيه إلى قيمة أخرى معينة. وبفرض أن الجين a هو الجين غير المرغوب فيه فإن تكرار الجين بعد جيل واحد (F_1) من الانتخاب ضد الأفراد ذات التركيب الوراثي aa يكون :

$$q_1 = \frac{q^2(1-s)+pq}{1-sq^2} = \frac{q-sq^2}{1-sq^2}$$

وهذه المعادلة مأخوذة من المعادلة السابقة لحالة السيادة التامة. وبوضع قيمة s تساوي الواحد الصحيح (أي أن الانتخاب تام ضد الجين غير المرغوب فيه a) فإن تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب يكون :

$$q_1 = \frac{q^2(1-s)+pq}{1-q^2} = \frac{pq}{1-q^2}$$

وبالتعويض عن p = 1 - q

$$\therefore q_1 = \frac{q(1-q)}{(1-q)(1+q)}$$

$$\therefore q_1 = \frac{q}{(1+q)} \quad \text{.......................(٦,٢)}$$

كما يكون تكرار الجين بعد الجيل الثاني (F_2) من الانتخاب هو :

$$\therefore q_2 = \frac{q_1}{(1+q_1)}$$

وبالتعويض عن $q_1 = \frac{q}{(1+q)}$ نجد أن :

$$q_2 = \frac{\frac{q}{1+q}}{1+\frac{q}{1+q}} = \frac{\frac{q}{1+q}}{\frac{1+q+q}{1+q}} = \frac{q(1+q)}{(1+q)(1+2q)}$$

$$\therefore q_2 = \frac{q}{(1+2q)} \quad \text{..............................(٦,٣)}$$

وبالمثل يكون تكرار الجين بعد الجيل الثالث (F_3) من الانتخاب هو :

$$q_3 = \frac{q_2}{1+q_2} = \frac{\frac{q}{1+2q}}{1+\frac{q}{1+2q}} = \frac{\frac{q}{1+2q}}{\frac{1+2q+q}{1+2q}} = \frac{q(1+2q)}{(1+2q)(1+3q)}$$

$$\therefore q_3 = \frac{q}{(1+3q)} \quad \text{.....................(٦,٤)}$$

وبالتالي يكون تكرار الجين بعد عدة أجيال (n) من الانتخاب التام ضد الأفراد ذات التركيب الوراثي غير المرغوب فيه وهو aa :

$$\therefore q_n = \frac{q}{(1+nq)} \quad \text{......................(٦,٥)}$$

حيث n تمثل عدد أجيال الانتخاب وعلى ذلك يكون عدد الأجيال من الانتخاب التام اللازمة لتغيير تكرار الجين من q إلى q_n هو :

$$\therefore q_n = \frac{q}{(1+nq)}$$

$$\therefore q = q_n(1+nq)$$

$q = q_n + nqq_n$ $q - q_n = nqq_n$

$$\therefore n = \frac{q-q_n}{qq_n}$$

$$\therefore n = \frac{1}{q_n} - \frac{1}{q} \quad \text{......................(٦,٦)}$$

(٢ ,٣ ,٦) مثال محلول لحساب عدد الأجيال اللازمة من الانتخاب التام لتغيير تكرار الجين

مثال محلول : افترض أن عدد الأفراد في عشيرة ما هو :

التركيب الوراثي	aa	Aa	AA
عدد الأفراد	30	60	10

فإذا علمت أن الانتخاب التام (s = ١,٠) قد حدث ضد الأفراد ذات التركيب الوراثي aa فاحسب :

أ) تكرار الجين بعد ثلاثة أجيال من الانتخاب التام.

ب) عدد الأجيال من الانتخاب التام اللازمة لتغيير تكرار الجين من q = ٤ , ٠ إلى q_n = ١٣٣٣ , ٠.

الحل

أ) حساب تكرار الجين بعد ثلاثة أجيال من الانتخاب التام (s = ١) :

تكرار الجين قبل الانتخاب :

$$q = \frac{10 + \frac{1}{2}(60)}{100} = 0.4$$

وتكرار الجين بعد ثلاثة أجيال من الانتخاب التام :

$$\therefore q_3 = \frac{q}{(1+3q)} = \frac{0.4}{1+3(0.4)} = 0.182$$

ب) حساب عدد الأجيال من الانتخاب التام اللازمة لتغيير تكرار الجين من q = ٠,٤ إلى q_n = ٠,١٣٣٣ هو :

$$\therefore n = \frac{1}{q_n} - \frac{1}{q} = \frac{1}{0.1333} - \frac{1}{0.4} = 5$$

ومن ثم فإن عدد الأجيال من الانتخاب التام اللازمة لتغيير تكرار الجين من q = ٠,٤ إلى q_n = ٠,١٣٣٣ هو خمسة أجيال. والجدول رقم (٢, ٦) يبين تكرار الجين (q_n) بعد عدة أجيال (n) من الانتخاب التام ضد الجين غير المرغوب فيه (a). هذا ويمكن تمثيل بيانات الجدول رقم (٢, ٦) في الشكل رقم (٢, ٦).

الجدول رقم (٢ ,٦). تكرار الجين (q_n) بعد عدة أجيال (n) من الانتخاب التام ضد الجين غير المرغوب فيه (a).

عدد الأجيال (n)	تكرار الجين قبل الانتخاب (q)				
	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5
	تكرار الجين بعد الانتخاب $q_n = \frac{q}{(1+nq)}$				
1	0.0990	0.1667	0.2308	0.2857	0.3333
2	0.0833	0.1429	0.1875	0.2222	0.2500
3	0.0769	0.1250	0.1579	0.1818	0.2000
4	0.0714	0.1111	0.1364	0.1533	0.1667
5	0.0667	0.1000	0.1200	0.1333	0.1429
6	0.0625	0.0909	0.1071	0.1176	0.1250
7	0.0588	0.0833	0.0968	0.1053	0.1111
8	0.0556	0.0769	0.0882	0٫0952	0.1000
9	0.0526	0.0714	0.0811	0.0870	0.0909
10	0.0500	0.0667	0.0750	0.0800	0.0833

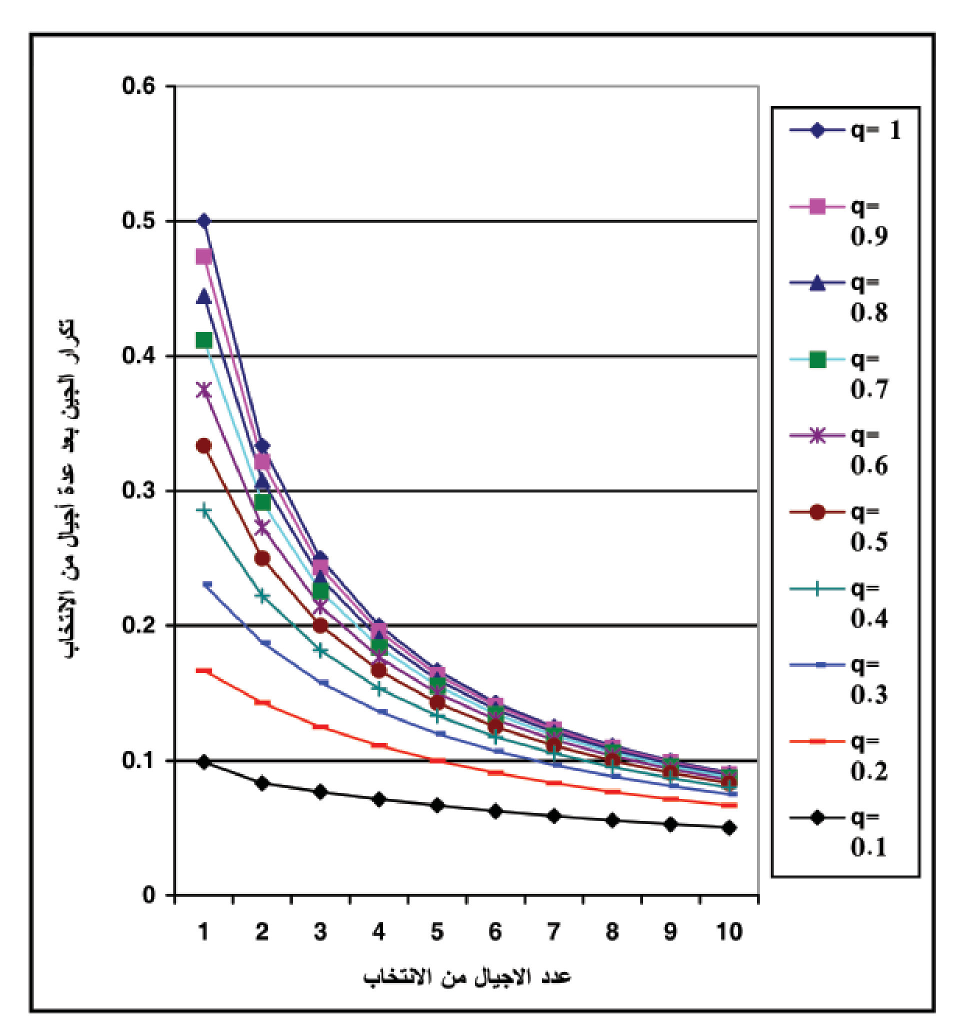
تابع الجدول رقم (٢ , ٦).

عدد الأجيال (n)	تكرار الجين قبل الانتخاب (q)				
	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5
	تكرار الجين بعد الانتخاب $q_n = \dfrac{q}{(1+nq)}$				
1	0.3750	0.4118	0.4444	0.4737	0.5000
2	0.2727	0.2917	0.3077	0.3214	0.3333
3	0.2143	0.2258	0.2353	0.2432	0.2500
4	0.1765	0.1842	0.1905	0.1957	0.2000
5	0.1500	0.1556	0.1600	0.1636	0.1667
6	0.1304	0.1346	0.1379	0.1406	0.1429
7	0.1154	0.1186	0.1212	0.1233	0.1250
8	0.1034	0.1061	0.1081	0.1098	0.1111
9	0.0938	0.0959	0.0976	0.0989	0.1000
10	0.0857	0.0875	0.0889	0.0900	0.0909

يلاحظ من الجدول رقم (٢ , ٦) والشكل رقم (١ , ٦) أن :

١ - تزداد كفاءة الانتخاب Selection efficiency في إحداث تغير في تكرار الجين بارتفاع قيمة تكرار الجين قبل الانتخاب (q)، بينما تقل كفاءة الانتخاب عندما يكون تكرار الجين في العشيرة الأصلية منخفضا.

٢- تزداد كفاءة الانتخاب في إحداث تغير في تكرار الجين في الأجيال الأولى من الانتخاب، بينما تقل كفاءة الانتخاب كثيرا بتقدم أجيال الانتخاب. إذ يتساوي تقريبا تكرار الجين في الأجيال الأخيرة من الانتخاب والسبب في ذلك أن وحدات الجين غير المرغوب فيه (a) تقل كثيرا في العشيرة بفعل الانتخاب وبالتالي تستبعد من العشيرة، كما أن بعض هذه الجينات غير المرغوب فيها يكون مستترا في التراكيب الوراثية الخليطة والتي تنخفض نسبتها أيضا في العشيرة بفعل الانتخاب.



الشكل رقم (٢ ,٦). تكرار الجين غير المرغوب فيه (a) بعد إجراء الانتخاب لعشرة أجيال ضد الجين غير المرغوب فيه.

هذا وقد وجد أن العلاقة بين جيلين متتاليين من الانتخاب التام ضد الجين غير المرغوب فيه (a) هي :

$$\frac{q_n}{q_{n-1}} = \frac{1}{1+q_{n-1}}$$

$$\therefore q_n = \frac{q_{n-1}}{1+q_{n-1}}$$

والمعروف سابقاً أن تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب التام ضد الجين غير المرغوب فيه (a) هي :

$$q_1 = \frac{q}{1+n}$$

وبما أن مقدار التغير في تكرار الجين يساوي الفرق بين تكرار الجين عند الجيل الأخير (q_n) وتكرار الجين عند الجيل السابق له (q_{n-1}) ، إذن يكون مقدار التغير في تكرار الجين عند جيل ما من الانتخاب التام هو:

$$\Delta q_n = [\frac{q_{n-1}}{1+q_{n-1}}] - q_{n-1}$$

$$\Delta q_n = [\frac{q_{n-1}}{1+q_{n-1})}] - \frac{q_{n-1}(1+q_{n-1})}{(1+q_{n-1})}$$

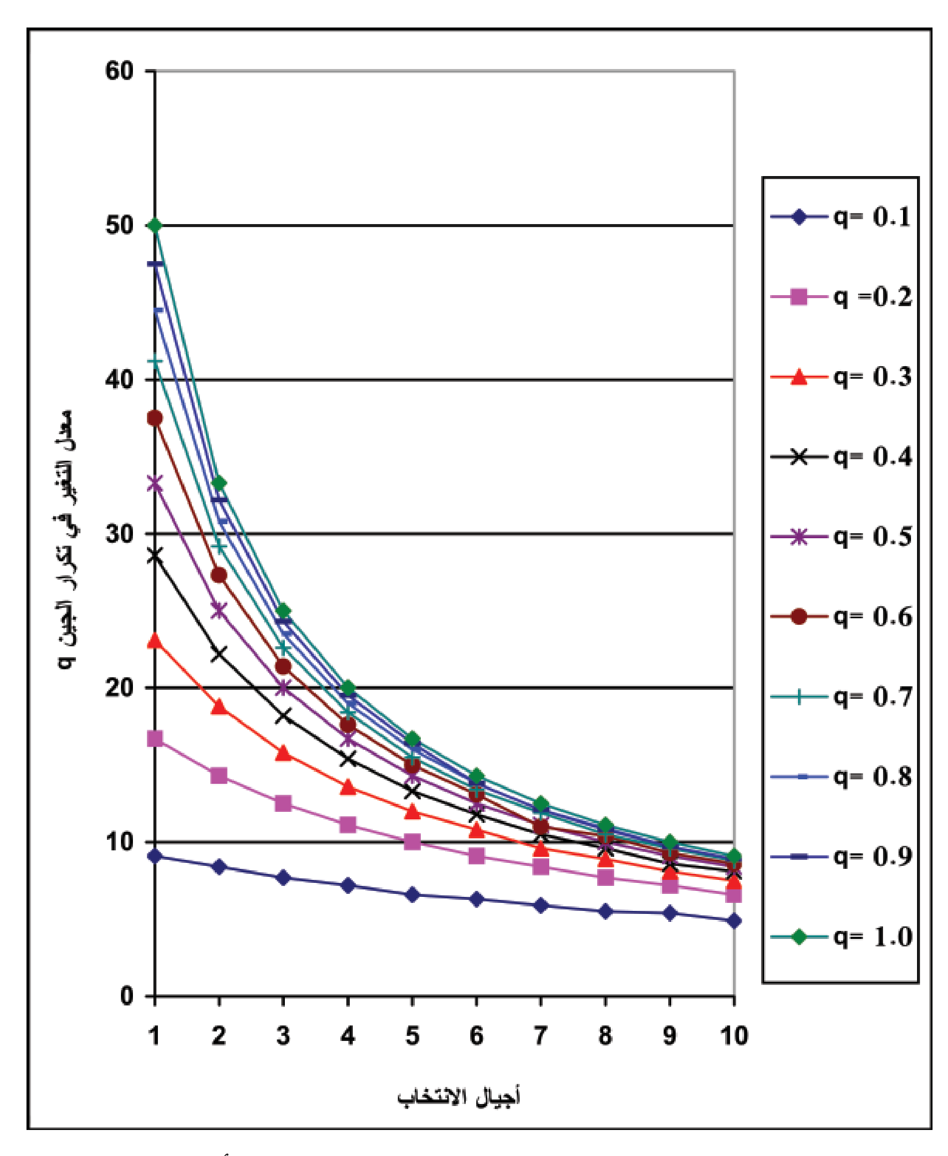
$$\Delta q_n = [\frac{q_{n-1} - q_{n-1} - q_{n-1}^2}{1+q_{n-1}}] = \frac{-q_{n-1}^2}{1+q_{n-1}}$$

$$\Delta q_n = \frac{-q_{n-1}^2}{1+q_{n-1}} \quad \text{.......................(٦,٧)}$$

وبالتالي تكون قيم مقدار التغير في تكرار الجين (Δq_n) بعد عشرة أجيال من الانتخاب التام ضد الأفراد aa في المثال السابق هي كما هو موضح في الجدول رقم (٦,٣)، والشكل رقم (٦,٣).

الجدول رقم (٣ ,٦). مقدار التغير في تكرار الجين $\Delta q = \frac{-q^2}{1+q}$ ومعدل التغير كنسبة مئوية (Δq%) بعد عدد من أجيال الانتخاب التام (n) ضد الجين غير المرغوب فيه (a).

	$\Delta q = \frac{-q^2}{1+q}$									
q	0.1		0.2		0.3		0.4		0.5	
عدد الأجيال (n)	Δq	Δq%	Δq	Δq%	Δq	Δq%	Δq	Δq%	Δq	Δq%
1	0.009	9.1	0.033	16.7	0.069	23.1	0.114	28.6	0.167	33.3
2	0.008	8.4	0.024	14.3	0.043	18.8	0.063	22.2	0.083	25
3	0.006	7.7	0.018	12.5	0.029	15.8	0.040	18.2	0.05	20
4	0.005	7.2	0.014	11.1	0.021	13.6	0.028	15.4	0.033	16.7
5	0.005	6.6	0.011	10	0.016	12	0.020	13.3	0.024	14.3
6	0.004	6.3	0.009	9.1	0.013	10.8	0.016	11.8	0.018	12.5
7	0.004	5.9	0.008	8.4	0.010	9.6	0.012	10.5	0.014	11.1
8	0.003	5.5	0.006	7.7	0.009	8.9	0.010	9.6	0.011	10
9	0.003	5.4	0.005	7.2	0.007	8.1	0.008	8.6	0.009	9.1
10	0.004	4.9	0.005	6.6	0.006	7.5	0.007	8.1	0.008	8.4
1	0.225	37.5	0.288	41.2	0.356	44.5	0.4273	47.5	0.5	50
2	0.102	27.3	0.120	29.2	0.137	30.8	0.1523	32.2	0.167	33.3
3	0.058	21.4	0.066	22.6	0.072	23.5	0.078	24.3	0.083	25
4	0.038	17.6	0.042	18.4	0.045	19	0.047	19.5	0.05	20
5	0.026	15	0.029	15.5	0.030	16	0.032	16.4	0.033	16.7
6	0.020	13.1	0.021	13.4	0.022	13.8	0.022	13.8	0.024	14.3
7	0.015	11	0.016	11.9	0.017	12.1	0.017	12.1	0.018	12.5
8	0.012	10.4	0.012	10.5	0.013	10.9	0.013	10.8	0.014	11.1
9	0.010	9.3	0.010	9.6	0.010	9.7	0.010	9.7	0.011	10
10	0.008	8.6	0.008	8.8	0.009	8.9	0.009	8.9	0.009	9.1



الشكل رقم (٣,٦). معدل التغير في تكرار الجين بعد إجراء الانتخاب لعشرة أجيال ضد الجين غير مرغوب فيه (a).

الفصل السابع

التباين المظهري بالعشيرة التي تحكمها الجينات الجسمية

(١ , ٧) التركيب الوراثي والبيئة

Genotype and Environment

التركيب الوراثي لفرد ما هو تعبير يشير إلى ما يحمله هذا الفرد من عوامل وراثية أو جينات في نوايا خلاياه. ومعروف أن كل صفة عبارة عن محصله ما يحمله الفرد من جينات تؤثر في هذه الصفات والبيئة التي يعيش فيها الحيوان. فكثيراً ما نجد تركيباً وراثياً معنياً يعطي تعبيراً معيناً في بيئة ما بينما يعطي تعبيراً آخر في بيئة أخرى. فإذا أعطت أبقار الفريزيان ٦٠٠٠ كجم من اللبن في هولندا وهو موطن هذه السلالة أصلا، وأعطت ٤٠٠٠ كجم فقط تحت ظروف المناخ الحار كان ذلك راجعاً إلى اختلاف البيئة فقط. إذاً التركيب الوراثي واحد في الحالتين وكمية اللبن هي مظهر أداء الصفة الخارجي. هذا وقد سبق ذكر أن الخصائص الوراثية للعشيرة يمكن التعبير عنها في صورة تكرارات للتراكيب الوراثية وتكرارات جينية. ولذلك يجدر هنا دراسة العشيرة من ناحية السلوك الوراثي لها.

(٧ , ٢) القيمة المظهرية للفرد Phenotypic Value

التعبير المظهري Phenotype لفرد ما هو تعبير يشير إلى ما يظهر على هذا الفرد من صفات يمكن رؤيتها أو قياسها أو وصفها. ومن ثم فإنها القيمة الملاحظة للصفة عند قياسها على الفرد. ويمكن أيضاً تعريف مظهر الصفة للفرد بأنه التعبير لمظهر أداء الصفة نتيجة ما يحمله هذا الفرد من جينات. ومن المعروف أنه كثيراً ما يتشابه فردان في مظهر أدائهما بالنسبة لصفة ما، بينما يختلفان في تركيبهما الوراثي بالنسبة لهذه الصفة. فمثلاً صفة لون الجلد في أبقار الأبردين أنجس Aberdeen angus يلاحظ أن الأفراد التي تحمل التركيب الوراثي RR وتلك التي تحمل التركيب الوراثي Rr يكون لونها أسود رغم الاختلاف في التراكيب الوراثية. وبما أن الصفة هي محصله تفاعل الجينات التي يملكها الفرد والظروف البيئة المحيطة به، ولذلك يمكن تقسيم الصفة المظهرية إلى جزء ناشئ عن تأثير التركيب الوراثي وآخر ناشئ عن البيئة. فإذا رمز بالمظهر الخارجي Phenotype بالرمز P، وللتركيب الوراثي Genotype بالرمز G، وللبيئة بالرمز E يمكننا أن نعبر عن مظهر أداء الصفة على أنه محصله للبيئة وللوراثة كما يلي :

$$P = G + E \qquad (٧ , ١)$$

ومن هذه المعادلة يمكن القول بأنه إذا تساوت البيئة والوراثة لفردين فلابد أن يتساويا في مظهر أدائهما وكثيرا ما تتفاعل البيئة مع الوراثة لتنتج أثراً معنياً. ونتيجة لذلك فإن مظهر أداء الصفات التي تظهر على حيوان ما عبارة عن محصلة لوراثة هذا الحيوان (تركيبه الوراثي) والبيئة التي يتعرض لها والتداخل بين الوراثة والبيئة أيضا. والوراثة هنا تعني مجموعة الجينات التي يحملها الحيوان والتي يتلقاها من أبويه وتتحدد بمجرد إخصاب بويضة الأم بالحيوان المنوي الذي يحصل عليه من الأب. أما البيئة فهي تشمل المحيط الذي يعيش فيه الحيوان والعوامل غير الوراثية التي يتعرض لها على مدار حياته. وبالنسبة لأثر البيئة على جنين الحيوانات الولودة فإن هذا الأثر لا يتعدى رحم الأم بينما بعد الولادة تشمل البيئة رعاية

الأم التي ترضع صغارها بالإضافة إلى عوامل أخرى خارجية كالظروف الجوية والمعاملة والحوادث والأمراض وغيرها، وبعد الفطام يختفي تأثير الأم تدريجيا من عوامل البيئة التي تؤثر في الحيوان. وفي هذه الحالة فإن المعادلة رقم (١ , ٧) تكتب بطريقة أخرى هي :

(٧ , ٢) .... $P = G + E + GE$

وفى حالة التزاوج العشوائي فإن قيمة GE تصبح صفرا ولذلك يكتفي الحديث عن المعادلة (١ , ٧) فقط وهي :

(٧ , ٣) .... $P = G + E$

هذا ويمكن تقسيم الأثر الوراثي حسب التعبيرات المختلفة للجينات وهى التجمعي Additive، والسيادي Dominance، والتفوقي Epistasis كما يلي :

(٧ , ٤) .... $G = A + D + I$

حيث تمثل A التعبير التجمعي، وتمثل D التعبير السيادي، وتمثل I التعبير التفوقي وبذلك يمكن وضع المعادلة رقم (١ , ٧) في الصورة التالية :

(٧ , ٥) .... $P = A + D + I + E$

ويمكن تقسيم الأثر البيئي إلى بيئة دائمة تلازم الحيوان طوال حياته وبيئة مؤقتة تزول بزوال السبب. وبذلك يمكن وضع المعادلة (٥ , ٧) في الصورة التالية :

(٧ , ٦) .... $P = G + E + GE = A + D + I + E_p + E_t$

حيث : E_p = البيئة الدائمة التي تلازم الحيوان Permanent environment

E_t = البيئة المؤقتة التي يتعرض لها الحيوان environment Temporary

(٣ , ٧) أسباب التباين المظهري في العشيرة
Causes of Phenotypic Variation in Population

مما تقدم يمكن أن نقول أن التباين المظهري بين الأفراد في عشيرة من العشائر يرجع إلى الأسباب الآتية :

١- الاختلافات في التراكيب الوراثية بين الحيوانات وهذه الاختلافات ترجع إلى :

أ) الاختلافات في التراكيب الوراثية لآباء هذه الأفراد.

ب) الصدفة التي تحدث نتيجة للتوزيع العشوائي للجاميطات عند تكوينها.

ج) المصادفة عند حدوث إخصاب بويضة الأم بالحيوان المنوي الذي يرد من الأب.

د) الطفرات وبعض حالات الشذوذ الكروموسومي.

هذا وتؤدي الاختلافات في التراكيب الوراثية بين الأفراد إلى ظهور أنماط مختلفة من تعبيرات الجين وأهم هذه الأنماط هي التأثير التجمعي (أو المضيف) والتأثير السيادي والتأثير التفوقي وقد جرى تناول هذه الأنماط سابقاً وسوف تذكر أيضاً لاحقا.

٢- الاختلافات في البيئة التي تتعرض لها الحيوانات على مدار حياتها منذ حدوث الإخصاب وحتى قياس الصفة ومن أمثلة هذه الاختلافات :

أ) الاختلافات في بيئة الأم الداخلية والخارجية وتشمل الاختلافات في جميع الظروف غير الوراثية المرتبطة بالأم Non – genetic maternal effects .

ب) الاختلافات في نوعية وكمية الغذاء الذي يقدم للحيوان.

ج) الاختلافات في الظروف الجوية التي تتعرض لها الحيوانات.

د) الاختلافات في المعاملة وفي سياسة الحيوان ورعايته الصحية.

هـ) الاختلافات في العوامل البيئية الأخرى مثل عمر الحيوان، وموسم الولادة، وطول فترة الحليب، وعدد مرات الحليب، وعدد الولدة في البطن الواحدة وغيرها.

٣- الاختلافات في أثر التداخل بين الوراثة والبيئة والتي لا يمكن إرجاعها للوراثة وحدها أو البيئة وحدها ويتضح هذا التفاعل عند استيراد الحيوانات من الخارج ومن ثم تربيتها في بيئتين مختلفتين.

(٧, ٤) مكونات التباين المظهري في العشيرة

Components of Phenotypic Variation in Population

يمكن تقسيم التباين المظهري للصفات (التباين الكلي) إلى المكونات الآتية :

(٧, ٤, ١) التباين الوراثي Genetic variance (σ^2_G) :

ويعرف التباين الوراثي للصفة بأنه الجزء من التباين المظهري الكلي الذي يرجع إلى الاختلافات في التركيب الوراثي بين الأفراد. وتبعاً للأنماط المهمة لتعبيرات الجين فإن التباين الوراثي للصفة يقسم إلى :

١ - التباين التجمعي (تباين مضيف) Additive variance ويرمز له بالرمز σ^2_A.

٢- التباين السياد ي variance Dominance ويرمز له بالرمز σ^2_D.

٣- التباين التفوقي variance Epistatic ويرمز له بالرمز σ^2_I.

(٧, ٤, ٢) التباين البيئي Environmental Variance (σ^2_E)

التباين البيئي للصفة يرمز له بالرمز σ^2_E هو الجزء من التباين المظهري (الكلي) الذي تسببه الاختلافات في الظروف البيئية التي تتعرض لها الحيوانات على مدار حياتها منذ إخصاب بويضة الأم بالحيوان المنوي من الأب. هذا ويمكن تقسيم التباين البيئي إلى :

١ - التباين البيئي الدائم Permanent environmental variation ويرمز له بالرمز σ^2_{EP}.

٢- التباين البيئي المؤقت Temporary environmental variation ويرمز له بالرمز σ^2_{Et}.

(٧ , ٤ , ٣) التباين الوراثي البيئي Variance Due to the Joint Effect of Genotype and Environment (σ^2_{GE})

هذا التباين يرمز له بالرمز σ^2_{GE} وهو عبارة عن الجزء من التباين المظهري (الكلي) الذي تسببه الاختلافات في التداخل بين الوراثة والبيئة. وتعمد بعض المراجع إلى إغفال هذا الجزء من التباين الكلي لأغراض التبسيط في الدراسة.

مما تقدم يلاحظ أن التباين المظهري الكلي = التباين الوراثي + التباين البيئي + التباين الوراثي البيئي.

∴ التباين المظهري الكلي = التباين التجمعي + التباين السيادي + التباين التفوقي + التباين البيئي الدائم + التباين البيئي المؤقت + التباين الوراثي البيئي.
ويطلق على مجموع التباين التجمعي والسيادي والتفوقي بالتباين الوراثي ويرمز له بالرمز σ^2_G فإذا رمز للتباين المظهري بالرمز σ^2_P نجد أن :

$$\sigma^2_P = \sigma^2_G + \sigma^2_E + \sigma^2_{GE} \quad \text{......................} \quad (٧,٧)$$

$$\sigma^2_P = \sigma^2_G + \sigma^2_E = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_{EP} + \sigma^2_{Et} + \sigma^2_{GE} \quad \text{....} \quad (٧,٨)$$

وفي حالة التزاوج العشوائي فإن σ^2_{GE} تصبح صفرا ولذلك يمكن اختصار معادلة التباين المظهري إلى :

$$\sigma^2_P = \sigma^2_G + \sigma^2_E = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_{EP} + \sigma^2_{Et} \quad \text{.......} \quad (٧,٩)$$

(٧,٥) أهمية دراسة التباين المظهري والوراثي في الحيوانات الزراعية

لعل دراسة التباين في الحيوانات الزراعية في غاية الأهمية إذ يمكن منها التعرف على أهمية العوامل المختلفة بالنسبة لبعضها وخاصة أهمية العوامل الوراثية بالنسبة للصفات الإنتاجية. وتؤخذ النسبة التالية كدليل على ذلك :

$$\frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P} = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_G + \sigma^2_E} = \frac{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_{EP} + \sigma^2_{Et}} \quad \text{....} \quad (٧,١٠)$$

وكلما كبر هذا الكسر زادت أهمية العوامل الوراثية بالنسبة للعوامل البيئية والعكس صحيح. ويطلق على هذه القيمة بالمكافئ الوراثي بالمعنى الواسع أو العريض Heritability in broad sense أي أن:

$$h^2_b = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P} \quad \text{......................} \quad (٧,١١)$$

أما نسبة $\frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P}$ فتسمى بالمكافئ الوراثي بالمعنى الضيق أو المحدود Heritability in narrow sense أي أن :

$$h^2_n = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P} \quad \text{.......................} \quad (٧, ١٢)$$

وسيجري التطرق فيما بعد أهمية المكافئ الوراثي للصفات المختلفة وطرق تقديره واستعمالاته المختلفة.

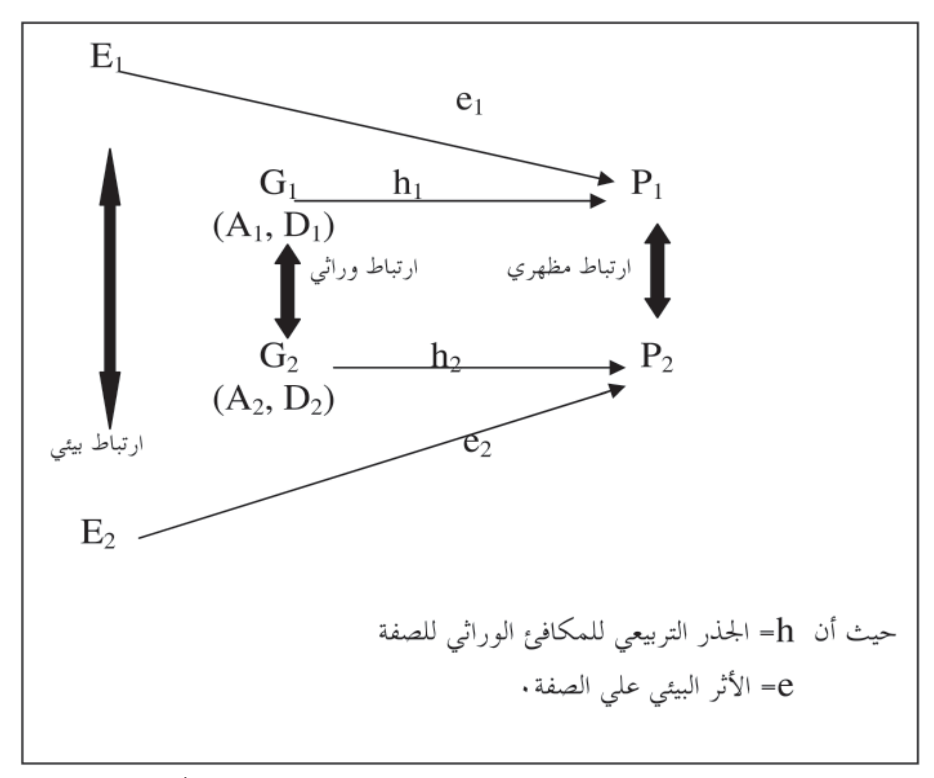
هذا ويمكن توضيح علاقة الأثر الوراثي بمظهر الصفة لصفتين لموقع جيني واحد باستخدام معامل العبور Path coefficients طبقا لأسلوب Wright (Wright, 1969) كما هو موضح بالشكل رقم (٧, ١).

(٧, ٦) مقياس فالكونر لتوضيح تعبيرات الجين في العشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

(٧, ٦, ١) مضمون مقياس فالكونر لتوضيح تعبير الجين Gene Expression

تتكون عشائر الحيوانات التي تتزاوج عشوائياً من أفراد لها تراكيب وراثية بتكرارات مختلفة. فإذا درست عشيرة ذات زوج واحد من الأليلات (أي A_1 ، A_2) وكان لدينا ثلاثة تراكيب وراثية هي A_1A_1، A_1A_2، A_2A_2 معلوم تكراراتها في العشيرة، وإذا عرفنا قيمة كل من هذه التراكيب ويمكن حساب المتوسط Mean والتباين Variance ويمكن أيضا من هذه القيم معرفة تعبير الجين. فمثلا إذا كانت A_1A_1= ١٥كجم، A_1A_2= ١٠كجم، A_2A_2 = ٥ كجم فإن التعبير تجمعي؛ لأن إضافة A_1 تزيد القيمة ٥كجم بغض النظر عن الأليل الآخر ولكن إذا كانت A_2A_2= ٥كجم وكل من A_1A_1، A_1A_2 = ١٠كجم فيمكن القول أن السيادة تامة لتساوي A_1A_1، A_1A_2 (أي أن تأثير الجين في مظهر الصفة يتوقف على تأثير أليله الموجود معه في الموقع نفسه). ولذلك

يتضح أنه لابد من وجود طريقه يمكن الحكم بها على طريقه تعبير هذا الجين عن نفسه وكيف يمكن لهذا التعبير أن يغير من متوسط وتباين الصفة الذي يؤثر فيها هذا الجين وسوف يجري الاعتماد في الدراسة هنا على الطريقة المبينة في كتاب Falconer (1989)، أحمد (١٩٩٢م) والسابقة الذكر عند تداولنا أثر الانتخاب على التكرار الجيني. ويمكن توضيح أسلوب فالكونر للاختزال لثلاثة تراكيب وراثية السابق ذكرها في الجدول رقم (١ , ٧). فإذا كان معلوم لدينا نقطة الوسط لمظهر الصفة التي تعتمد على زوج واحد من الأليلات في العشيرة الحيوانية فإن كل فرد من أفراد هذه العشيرة سوف ينحرف بمقدار معين عن نقطة الوسط. وهذا الانحراف يعود بالطبع إلى الظروف البيئية المحيطة بهذا الفرد؛ لأن التركيب الوراثي للأفراد ثابت.



الشكل رقم (١ , ٧). استخدام معامل العبور Path coefficients لتوضيح علاقة الأثر الوراثي والبيئي بمظهر الصفة لصفتين.

الجدول رقم (١ , ٧). أسلوب فالكونر للاختزال لتوضيح تعبير الجين بالعشيرة التي بحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.

تعبير الجين	أسلوب فالكونر للاختزال (مقياس Falconer)				
الحالة الأولى :					
أثر الجين تجمعي أو غياب السيادة	التراكيب الوراثية	A_1A_1		A_1A_2	A_2A_2
	القيمة المظهرية للتركيب	15		10	5
	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	(+a)		(d=0) نقطة الوسط أو نقطة الصفر	(-a)
الحالة الثانية :					
حالة سيادة غير تامة	التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2		A_2A_2
	القيمة المظهرية للتركيب	15	12	10	5
	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	(a)	(d›0)	نقطة الوسط	(-a)
الحالة الثالثة :					
حالة سيادة تامة	التراكيب الوراثية	A_1A_1 A_1A_2			A_2A_2
	القيمة المظهرية للتركيب	15		10	5
	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	(d=+a)		نقطة الوسط	(-a)

حيث : a+= انحراف قيمة التركيب الوراثي A_1A_1 عن نقطة الوسط لمظهر الصفة.

a-= انحراف قيمة التركيب الوراثي A_2A_2 عن نقطة الوسط لمظهر الصفة.

d= انحراف قيمة التركيب الوراثي A_1A_2 عن نقطة الوسط لمظهر الصفة.

فإذا كان لدينا أفراد من عشيرة ما تركيبها الوراثي A_1A_2 وانحراف قيمة هذا التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة يكون **a+** ، وأفراد تركيبها الوراثي A_2A_2 وانحرافها عن نقطة الوسط للصفة يكون **a-** ، والأفراد A_1A_2 انحرافها عن نقطة الوسط

للصفة يكون **d**. ويمكن القول أن كل انحراف للقيمة الوراثية Genotypic value عن نقطة الوسط لمظهر الصفة يمثل قيمة التركيب المظهري في حالة موقع جيني واحد كما هو موضح في كتاب Falconer (1989). والجدول رقم (٢ , ٧) يوضح أسلوب Falconer للاختزال للتعبير عن أنماط تعبير الجين في حالات السيادة المختلفة.

الجدول رقم (٢ , ٧). أسلوب فالكونر للاختزال للتعبير عن أنماط تعبير الجين في حالات السيادة المختلفة.

<table>
<tr><th>انحراف قيمة التركيب الوراثي الخليط A_1A_2 عن نقطة الوسط لمظهر الصفة</th><th>أسلوب Falconer للاختزال
(مقياس فالكونر)</th><th>نمط تعبير الجين</th></tr>
<tr><td>قيمة d في منتصف المسافة بين A_1A_1 ، A_2A_2</td><td>A_1A_1 نقطة الوسط A_1A_2 A_2A_2
--|------------------|---------------|--
(+a) (d=0) (-a)</td><td>أثر الجين تجمعي
(أي حالة غياب السيادة)</td></tr>
<tr><td>قيمة d تنحرف تجاه التركيب A_1A_1</td><td>A_1A_1 A_1A_2 نقطة الوسط A_2A_2
---|----------|----------|------------|--
(+a) (d>0) 0 (-a)</td><td>أثر الجين A_1 سياديا
(حالة سيادة غير تامة)</td></tr>
<tr><td>قيمة d تنحرف تجاه التركيب A_2A_2</td><td>A_1A_1 نقطة الوسط A_1A_2 A_2A_2
--|--------------|----------|---------|--
(+a) 0 (d>0) (-a)</td><td>أثر الجين A_2 سياديا
(حالة سيادة غير تامة)</td></tr>
<tr><td>قيمة d تنطبق علي قيمة التركيب A_1A_1</td><td>A_1A_2
A_1A_1 نقطة الوسط A_2A_2
----|--------------|----------------|--
(d=+a) 0 (-a)</td><td>أثر الجين A_1 سياديا
(حالة سيادة تامة)</td></tr>
<tr><td>قيمة d تنطبق علي قيمة التركيب A_2A_2</td><td>A_1A_2
A_1A_1 نقطة الوسط A_2A_2
---|------------|------------------|--
(+a) 0 (d=-a)</td><td>أثر الجين A_2 سياديا
(حالة سيادة تامة)</td></tr>
<tr><td>قيمة d فائقة عن قيمة التركيب A_1A_1</td><td>A_1A_2 A_1A_1 نقطة الوسط A_2A_2
---|---------|------------|--------|--
(d>+a) (+a) 0 (-a)</td><td>أثر الجين A_1 سياديا
(حالة سيادة فائقة)</td></tr>
</table>

ففي حالة غياب السيادة تكون d = صفرا (أي أن d تقع في منتصف المسافة بين قيمتي التركيبين الوراثيين A_1A_2 ، A_2A_2 أي بين a – ، a+). وإذا انحرفت قيمة d عن منتصف المسافة في اتجاه A_1A_1 من الممكن القول أن A_1 سائدة على A_2 أي أن قيمة d تكون قيمة موجبة. وإذا انحرفت قيمة d في اتجاه A_2A_2 قلنا أن A_2 سائدة على A_1 أي أن قيمة d تؤخذ قيمة سالبه. وإذا كانت قيمة d = a + كانت A_1 تسود سيادة تامة على A_2. وإذا كانت – a = قيمة d كانت A_2 تسود سيادة تامة على A_1. وإذا كانت قيمة d أكبر من A_2 فإن A_1 تسود سيادة فائقة Over-dominance. وفى النهاية فإن القيمة الوراثية تساوي القيمة المظهرية في حالة ثبات العوامل البيئية P = G .

(٢, ٦, ٧) مثال محلول لتوضيح تعبير الجين باستخدام مقياس فالكونر

مثال محلول : هناك جين جسمي واحد مسئول عن صفه القزمية في الفئران يعرف باسم Pygmy ويرمز له بالرمز p حيث يسبب صغر حجم الحيوان إذا وجد بصوره متنحية. وفى دراسة ما كان متوسط أوزان الفئران التابعة للتراكيب الوراثية الثلاثة عند عمر ٦ أسابيع هي بالتقريب كالآتي :

التراكيب الوراثية	PP	Pp	pp
الوزن بالجمات	14	12	6

وهذه الأوزان متوسط لأعداد كبيرة كانت تعيش فى ظروف بيئية عاديه ولذلك فكل منها يمثل قيمة وراثية Genotypic value. والمطلوب إيجاد قيمة a ، d، a- مع تحديد نمط تعبير الجين.

الحل

يجمع متوسط قيمتي التركيبين الوراثيين PP ، pp ونقسم المجموع على ٢ فنحصل على القيمة عند نقطة الوسط على مقياس الاختزال (نقطة الصفر). أي أن :

نقطة الوسط = (٦+١٤) ÷ ٢ =١٠ وهي نقطة الصفر على المقياس.

يطرح الرقم الناتج من القسمة من كل قيم التراكيب الوراثية الثلاثة لكي نحصل على انحرافات هذه القيم عند نقطة الوسط وهذه الانحرافات تمثل قيم a ، d ، a – ، أي أن :

قيمة **a** (أي انحراف قيمة التركيب PP عن نقطة الوسط أو الصفر علي المقياس) = ١٤ – ١٠ = ٤ جم.

قيمة **a–** (أي انحراف قيمة التركيب pp عن نقطة الوسط أو الصفر علي المقياس) = ٦–١٠ = –٤ جم.

قيمة **d** (أي انحراف قيمة التركيب Pp عن نقطة الوسط أو الصفر علي المقياس) = ١٢–١٠=٢ جم.

ونظراً لأن قيمة d أكبر من الصفر ومن ثم تنحرف تجاه التركيب الوراثي PP فإن نمط تعبير الجين P يكون سياديا (حالة سيادة غير تامة). ومن ثم يمكن التعبير عن ذلك علي مقياس Falconer للاختزال كما يلي :

انحراف قيمة التركيب الوراثي الخليط Pp عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	أسلوب Falconer للاختزال	نمط تعبير الجين
قيمة d تنحرف تجاه التركيب PP	pp نقطة الوسط Pp PP --|-----------|------------------|- (-a) 0 (d>0) (+a)	أثر الجين P سياديا (حالة سيادة غير تامة)
القيمة المظهرية للتراكيب Phenotypic value	6 10 12 14	

(٧, ٧) متوسط العشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

إذا كان لدينا عشيرة متزنة وتتزاوج عشوائيا وأردنا معرفة متوسط العشيرة Population mean فإنه يمكن إيجاد متوسط العشيرة بضرب انحراف القيمة الوراثية لكل تركيب وراثي عن نقطة الوسط (G) في تكرار هذا التركيب الوراثي بالعشيرة (f) ثم يقسم المجموع على مجموع تكرارات التراكيب الوراثية بالعشيرة. هذا ويمكن إيجاد متوسط العشيرة طبقا لأسلوب Falconer كما هو موضح بالجدول التالي :

التركيب الوراثي	التكرار (f)	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة (G)	التكرار × انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة (fG)
AA Aa aa	p^2 2pq q^2	+a d -a	ap^2 2dpq $-aq^2$
Total	1		$ap^2+2dpq-aq^2$

ومن ثم وعند حدوث التزاوج العشوائي فإنه يمكن حساب متوسط العشيرة (M_0) كانحراف عن نقطة الوسط طبقا للمعادلة :

$$\frac{[ap^2 + 2dpq \;\; aq^2]}{1} = \frac{\sum fG}{\sum f} = \text{Mean}$$

$$M_0 = a(p^2-q^2) + 2dpq$$
$$= a(p - q)(p + q) + 2dpq$$
$$= a(p - q) + 2dpq$$

(٧ , ١٣) .... $\therefore \mathbf{M_0 = a(p - q) + 2dpq}$

وهذا المتوسط محسوب على أساس انحرافات القيم الوراثية AA ، aa عن نقطة الوسط وعليه يكون المتوسط العشيرة الفعلي هو :

المتوسط الفعلي للعشيرة = a(p-q) + 2dpq + القيمة عند نقطة الوسط.

هذا ويمكن القول أن متوسط العشيرة يعتمد على تكرارات الجينات وعلى قيمة كل من انحراف التركيب الوراثي AA ، Aa عن نقطة الوسط (أي a ، d) في العشيرة.

ملحوظات على متوسط العشيرة :

١ – إذا لم توجد سيادة No dominance، أي أن يكون الجين ذات أثر تجمعي Additive (أي $\mathbf{d} = 0$) فإن :

التراكيب الوراثية	aa	Aa	AA
انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	-a	d = 0	+a
تكرار التراكيب الوراثية	q^2	2pq	p^2

فيكون متوسط الصفة في العشيرة = مجموع حاصل ضرب انحراف قيم التراكيب الوراثية عن نقطة الوسط× تكرار التراكيب الوراثية. ويمكن توضيح ذلك في الجدول التالي :

التركيب الوراثي	التكرار (f)	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة (G)	تكرار التركيب الوراثي x انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة (FG)
AA Aa aa	p^2 2pq q^2	+a 0 -a	$+ap^2$ 0 $-aq^2$
Total	1		$ap^2-aq^2 = a(p^2-q^2)$

وبالتالي فإن متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط لمظهر الصفة يكون:

$$\text{Mean} = \sum fG/\sum f = a(p^2 - q^2) = a(p-q)(p+q)$$

$$\therefore \textbf{Mean} = \mathbf{a(p-q)} \quad \text{.......................} \quad (٧ , ١٤)$$

ويتضح مما سبق أن متوسط العشيرة يتناسب مع تكرار الجين وانحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة (G).

٢- إذا كانت السيادة تامة Complete dominance أي **d = a** فإنه يمكن حساب متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط كما يلي:

$$\text{Mean} = a(p-q) + 2apq = a(p-q) + 2apq$$

$$\therefore \textbf{Mean} = \mathbf{a(1-2q^2)} \quad \text{.....................} \quad (٧ , ١٥)$$

مثال محلول: في المثال السابق عن الجين المسئول عن صفه القزمية في الفئران إذا كان تكرار الجين P هو P= 0.9، وتكرار الجين p هو q = 0.1 . فما هو متوسط العشيرة الفعلي لهذه الصفة؟

الحل

في حالة التزاوج العشوائي فإن متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط يحسب كما يلي :

$$Mo = a(p - q) + 2dpq = 4(0.9 - 0.1) + 2(2)(0.9)(0.1) = 3.56 \text{ gm}$$

وبما أن هذا المتوسط محسوب كانحراف عن نقطة الوسط وهى ١٠جم فإن متوسط العشيرة الفعلي يكون :

$$Mean = 3.56 + 10 = 13.56 \text{ gm}$$

هذا ويمكن حساب متوسط العشيرة بضرب انحراف قيمة كل تركيب وراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة في تكراراتها وقسمه الناتج على مجموع تكرار التراكيب الوراثية ثم جمع الناتج إلى قيمة نقطة الوسط :

التركيب الوراثي	التكرار (f)	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة (G)	(f x G)
PP	$(0.9)^2=0.81$	4	3.24
Pp	2(0.9)(0.1)=0.18	2	0.36
pp	$(0.1)^2=0.01$	-4	-0.04
المجموع	1.0		3.56

والقيمة ٣,٥٦ جم تمثل متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط ولكن المتوسط الفعلي للعشيرة يكون :

$$M_o = 3.56+10 = 13.56 \text{ gm}$$

(٧,٨) التباين الوراثي الكلي للعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

جرى إيجاد المتوسط للعشيرة المتزنة بطريقة اختزال فالكونر Falconer والتي تتزاوج عشوائياً في حالة زوج واحد من الجينات الجسمية وبالتالي يحسب التباين الوراثي في العشيرة Genetic variance of population للتراكيب الوراثية الثلاثة طبقا لأسلوب فالكونر كما هو موضح فيما يلي :

التركيب الوراثي	التكرار (F)	انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط (G)	التكرار × انحراف قيمة التركيب الوراثي (FG)	G^2	(FG^2)
AA	P^2	+a	ap^2	a^2	$+a^2p^2$
Aa	2pq	d	2dpq	d^2	$2d^2pq$
aa	q^2	-a	$-aq^2$	a^2	$+a^2q^2$
Total	1.0		$\Sigma FG = ap^2 + 2dpq - aq^2 = a(p-q) + 2dpq$		$\Sigma FG^2 = a^2p^2 + 2d^2pq + a^2q^2$

وبالتالي فإنه يمكن حساب التباين الوراثي الكلي للعشيرة (σ^2_G) للتراكيب الوراثية الثلاثة طبقا للمعادلة :

$$(٧,١٦) \ldots\ldots \sigma^2_G = \sum FG^2 - \left[\frac{(\sum FG)^2}{\sum F}\right] \ldots\ldots (7-16)$$

$$\therefore \sigma^2_G = (a^2p^2 + 2d^2pq + a^2q^2] - [a(p-q)+2dpq]^2$$
$$= a^2p^2 + 2d^2pq + a^2q^2 - [a^2(p-q)^2 + (2dpq)^2 + 4adpq\ (p-q)]$$
$$= a^2p^2 + 2d^2pq + a^2q^2 - [a^2(p^2 - 2pq + q^2) + (2dpq)^2 + 4adpq\ (p-q)]$$
$$= a^2p^2 + 2d^2pq + a^2q^2 - a^2p^2 + 2a^2pq - a^2q^2 - (2dpq)^2 - 4adpq\ (p-q)$$
$$= 2pq\ [d^2 + a^2 - 2d^2pq - 2ad\ (p-q)]$$
$$= 2pq\ [d^2 + a^2 - 2d^2pq - 2ad\ (q-p)]$$

وبما أن :

$$P + q = 1 = (p+q)^2$$

يمكن كتابة معادلة التباين الوراثي الكلي للعشيرة (σ^2_G) على النحو التالي :

$$\sigma^2_G = 2pq\ [d^2(p+q)^2 + a^2 - 2d^2pq) + 2ad(q-p)]$$
$$= 2pq\ [d^2p^2 + d^2q^2 + 2d^2pq + a^2 - 2d^2pq + 2ad\ (q-p)]$$
$$= 2pq\ [d^2p^2 + d^2q^2 + a^2 - 2d^2pq + 2ad\ (q-p) + 2d^2pq]$$
$$= 2pq\ [a^2 + d^2\ (p^2 - 2pq + q^2) + 2ad\ (q-p) + 2d^2pq]$$
$$= 2pq\ [a^2 + d^2\ (q-p)^2) + 2ad\ (q-p) + 2d^2pq]$$
$$= 2pq\ [(a + d\ (q-p))^2 + 2d^2pq] = 2pq\ [a + d(q-p)]^2 + (2dpq)^2$$

أي أن التباين الوراثي الكلى (σ^2_G) للتراكيب الوراثية الثلاثة هو :

$$\sigma^2_G = 2pq[a + d(q - p)]^2 + [2dpq]^2 \quad \text{...... (٧ , ١٧)}$$

مثال محلول: في قطيع من الأغنام كان وزن الجسم للفرد AA هو ٢٠ كجم، والفرد Aa وزنه ١٦ كجم، والفرد aa وزنه ١٠كجم وأن تكرار الجينA هو P_A=0.7، وتكرار الجين a هو q_a =0.3. احسب مقدار التباين الوراثي الكلي للتراكيب الوراثية الثلاثة ومتوسط القطيع إذا علمت أن القطيع يتزاوج عشوائياً ويحكمه زوج واحد من الجينات الجسمية ؟

الحل

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	d = 0	-a
تكرار التراكيب الوراثية	p^2	2pq	q^2
الوزن بالكجم	20	16	10

p = 0.7 q = 0.3

نقطة الوسط = (٢٠+ ١٠) ÷ ٢ = ١٥ كجم

قيمة a (أي انحراف قيمة التركيب الوراثي AA عن نقطة الوسط) = ٢٠- ١٥ = ٥ كجم

قيمة a- (أي انحراف قيمة التركيب الوراثي aa عن نقطة الوسط) = ١٠-١٥= -٥ كجم

قيمة d (أي انحراف قيمة التركيب الوراثي Aa عن نقطة الوسط) = ١٦-١٥=١كجم

وعليه فإن متوسط القطيع كانحراف عن نقطة الوسط يكون :

$$\text{Mean} = 5(0.7 - 0.3) + 2\,(1)(0.7)(0.3) = 2.42 \text{ kg}$$

وهذا المتوسط مقاس كانحراف عن نقطة الوسط وهي ١٥كجم وعليه فإن المتوسط الفعلي للقطيع يكون :

$$\text{Mean} = 2.42 + 15 = 17.42 \text{ kg}$$

ويكون التباين الوراثي الكلى σ^2_G هو :

$$\sigma^2_G = 2pq[a + d(q - p)]^2 + [2dpq]^2$$
$$= 2(0.7)(0.3)\,[5 + 1(0.3 - 0.7)]^2 + [(2)(1)(0.7)(0.3)]^2$$
$$= 8.8872 + 0.1764 = 9.0636 \text{ kg}^2$$

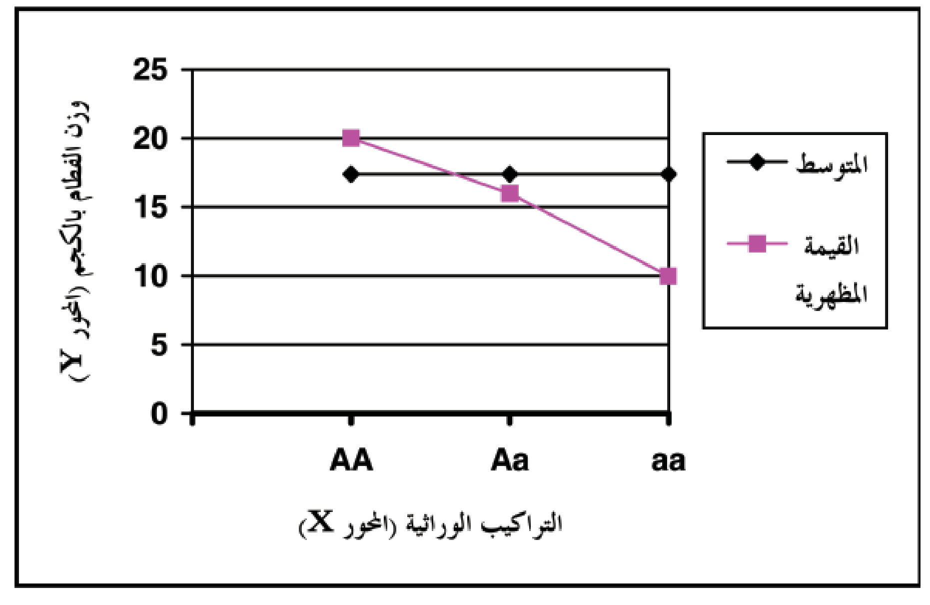
(٩, ٧) تقسيم التباين الوراثي إلى تباين تجمعي وتباين سيادي بالعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

يتضح من الجدول السابق أنه في حالة زوج واحد من الأليلات يكون هناك ثلاثة أقسام مختلفة من التراكيب الوراثية وهى AA ، Aa ، aa وأن هذه التراكيب بينها درجتان من درجات الحرية يمكن تقسيمها إلى درجه تختص بالعلاقة الخطية Linear relationship بين قيمة الفرد وتركيبه الوراثي والدرجة الأخرى للاختلافات الباقية. أي أنه يمكن اعتبارها علاقة اعتمادية حيث X تمثل التراكيب الوراثية للفرد بينما تمثل Y قيمة هذا الفرد. وعلى ذلك يمكن تقسيم التباين إلى قسمين هما :

١- تباين راجع للانحدار Regression.

٢- تباين الخطأ التجريبي Error أو المتبقي.

ويمكن تمثيل هذه العلاقة بيانيا كما هو موضح بالشكل رقم (٢, ٧).



الشكل رقم (٢, ٧). علاقة مظهر الفرد (أداء الفرد) بالتركيب الوراثي له.

والمراد هنا هو رسم خط اعتماد Regression line بين هذه القيم الثلاث بحيث يكون أكثر الخطوط المستقيمة تمثيلا للحالة. ثم حساب التباين الذي يمكن إرجاعه إلى الاعتماد على التركيب الوراثي ويسمى التباين التجمعي Additive variance ويكون له درجه حرية واحدة. أما التباين المتبقي بعد ذلك والذي يسمى (Remainder (error فهو الذي يطلق عليه التباين السيادي Dominance variance وذلك بالنسبة لموقع جيني واحد. ومن ثم يمكن تقسيم التباين الكلى المتحصل عليه باستخدام رموز Falconer والمساوي للقيمة : $2pq[a + d(q - p)]^2 + (2dpq)^2$ إلى جزء راجع إلى التباين التجمعي والجزء المتبقي راجع إلى التباين السيادي. وبالتالي فإن التباين التجمعي هو الجزء الأول من معادلة التباين الكلى السابقة. أي أن:

$$\sigma_A^2 = 2pq[a + d(q-p)]^2 \quad \text{........... (٧, ١٨)}$$

وأن التباين السيادي هو الجزء الثاني من معادلة التباين الكلى السابقة. أي أن :

$$\sigma_D^2 = [2dpq]^2 \quad \text{.................... (٧, ١٩)}$$

وفى مثالنا السابق يمكن تقسيم التباين للتراكيب الوراثية الثلاثة إلى :

١- التباين التجمعي: $\sigma^2_A = 2(0.7)(0.3)[5 + 1(0.3 - 0.7)]^2 = 8.8872\ Kg^2$

٢- التباين السيادي: $\sigma^2_D = [2(1)(0.7)(0.3)]^2 = 0.1764\ Kg^2$

ويمكن توضيح ذلك في تحليل للتباين ANOVA كما هو موضح بعد :

جدول تحليل التباين الوراثي للصفة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية بالعشيرة

التباين	Sum of squares = Mean squares	DF	مصدر التباين
σ^2_A	$2pq[a + d(q-p)]^2 = 8.8872\ kg^2$	1	الانحدار Regression (التباين التجمعي)
σ^2_D	$(2dpq)^2 = 0.1764\ kg^2$	1	الخطأ Error أو المتبقي (التباين السيادي)
$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$	$\sigma_G^2 = 2pq[a + d(q-p)]^2 + [2dpq]^2 = 9.0636\ kg^2$	2	الكلي Total

(٧, ١٠) تقدير متوسط أثر وإبدال الجين والقيمة التربوية للتراكيب الوراثية في حالة زوج واحد من الجينات الجسمية

الرسم التخطيطي التالي يوضح أسلوب كمبثورن (Kempthorne, 1957) Kempthorne وأسلوب فالكونر (Falconer, 1989) لتقدير متوسط أثر وإبدال الجين والقيمة التربوية للتراكيب الوراثية في حالة زوج واحد من الجينات الجسمية :

تقدير متوسط أثر وإبدال الجين والقيمة التربوية للتراكيب الوراثية في حالة زوج واحد من الجينات الجسمية





أسلوب فالكونر Falconer :

الذي يأخذ في الاعتبار:

- انحراف قيم التراكيب الوراثية عن نقطة الوسط
- تكرار الجين.

أسلوب كمبثورن Kempthorne

- الطريقة الأولى بمعلومية متوسط العشيرة وتكرار التراكيب الوراثية والقيم المظهرية.
- الطريقة الثانية بمعلومية متوسط العشيرة وتكرار الجين وانحراف القيم المظهرية للتراكيب الوراثية عن المتوسط

(١ , ١٠ , ٧) متوسط أثر الجين Average Gene Effect

يعرف متوسط أثر الجين لجين ما بأنه متوسط الزيادة أو النقص عن متوسط العشيرة لجميع الأفراد التي تحمل هذا الجين. فإذا كانت هناك عشيرة من الأرانب التزاوج بها عشوائي وتوزيعها الزيجوتي والقيم المظهرية لطول الجسم بالسم كالآتي :

Genotype التركيب الوراثي	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية Genotypic frequency (f)	0.64	0.32	0.04	1.0
القيمة المظهرية لطول الجسم بالسم Phenotypic value (X)	20	18	12	

$$P = 0.64 + \tfrac{1}{2}(0.32) = 0.8$$
$$q = 0.2$$

فيكون متوسط أثر الجين A هو متوسط زيادة الأفراد التي تحمله (أي الأفراد ذات التركيب AA، Aa) وبما أن التركيب الوراثي Aa يحمل الأليلين فتحسب نصف الأفراد Aa مع AA والنصف الآخر مع aa. إذن متوسط أثر الجين A والذي يرمز له بالرمز α يكون :

$$\alpha = \frac{\sum f_A X_A}{\sum f_A} - \text{General mean} \quad \text{.........} \quad (٧,٢٠)$$

حيث ترمز X_A لقيم التراكيب الوراثية المختلفة الحاملة للجين A وترمز f_A لتكرارات هذه التراكيب الوراثية. وفى المثال السابق نجد أن :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	Midpoint	aa
انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	.d	0	-a
تكرار التراكيب الوراثية	$p^2=0.64$	2pq=0.32		$q^2=0.04$
القيم المظهرية بالسم	20	18		12

نقطة الوسط= (٢٠ + ١٢) ÷ ٢ = ١٦ سم.

قيمة a (أي انحراف التركيب AA عن نقطة الوسط) = ٢٠- ١٦= ٤ سم.

قيمة d (أي انحراف التركيبAa عن نقطة الوسط) = ١٨-١٦=٢ سم.

وأن أثر الجين ذات سيادة غير تامة.

(١, ١, ١٠, ٧) حساب ,متوسط أثر الجين بأسلوب Falconer

متوسط العشيرة طبقا لأسلوب Falconer يمكن حسابه كالتالي :

$$M_o = a\,(p-q) + 2dpq = 4(0.8-0.2) + 2(2)(0.8)(0.2) = 3.04 \text{ cm}$$

ومتوسط العشيرة هذا محسوب كانحراف عن نقطة الوسط ومن ثم فإن متوسط العشيرة الفعلي = ١٦+ ٣,٠٤= ١٩,٠٤ سم.

متوسط أثر الجين A هو α :

$$\alpha = q\,[a + d(q-p)] \quad \text{(٧, ٢١)}$$

ومتوسط أثر الجين a هو β :

$$\beta = -p\,[\,a + d\,(q - p)] \quad \text{(٧, ٢٢)}$$

وإذا رمزنا للقيمة $a + d(q-p)$ بالرمز Φ فإن :

$$\Phi = a + d(q-p) \quad \text{(٧, ٢٣)}$$

ومن ثم فإن متوسط أثر الجين A يصبح :

$$\alpha_A = q\,\Phi \quad \text{(٧, ٢٤)}$$

ومتوسط أثر الجين a يصبح :

$$\beta_a = -p\Phi \quad \text{(٧, ٢٥)}$$

وفي المثال السابق يلاحظ أن متوسط أثر الجين A هو :

$$\alpha = 0.2\,[4 + 2\,(0.2 - 0.8)]= 0.2(2.8) = 0.56 \text{ cm}$$

ويعني هذا الرقم أن الأفراد التي تحمل الجين A سيزيد طول جسمها بمقدار ٠,٥٦ سم عن نقطة الوسط وهي ١٦ سم.

وكذلك متوسط أثر الجين a هــو:

$$\beta = -(0.8)\,[4 + 2\,(0.2 - 0.8)] = -0.8(2.8) = -2.24 \text{ cm}$$

ويعني هذا الرقم أن الأفراد التي تحمل الجين a سيقل طول جسمها بمقدار ٢,٢٤ سم عن نقطة الوسط وهي ١٦ سم.

(٢, ١, ١٠, ٧) حساب متوسط أثر الجين بأسلوب Kempthorne

يمكن حساب المتوسط العام للعشيرة كالتالي :

$$\text{المتوسط العام} = \frac{(\text{قيمة AA})\ (\text{تكرار AA}) + (\text{قيمة Aa})\ (\text{تكرار Aa}) + (\text{قيمة aa})(\text{تكرار aa})}{(\text{تكرار التركيب AA}) + (\text{تكرار التركيب Aa}) + (\text{تكرار التركيب aa})} \quad ...(٧,٢٦)$$

المتوسط العام يكون :

$$\frac{(20)(0.64) + (18)(0.32) + (12)(0.04)}{0.64+0.32+0.04} = 19.04cm$$

هذا ويمكن حساب متوسط العشيرة الفعلي بضرب كل قيمة مظهر الصفة لكل تركيب وراثي في تكرارها وقسمة الناتج على مجموع تكرار التراكيب الوراثية كما يلي :

التركيب الوراثي	التكرار (F)	القيمة المظهرية (X)	(FX)
AA	0.64	20	12.8
Aa	0.32	18	5.76
aa	0.04	12	0.48
Total	1.0		Mean= 19.04

أ) أسلوب Kempthorne بمعلومية تكرار التراكيب الوراثية والقيم المظهرية

متوسط أثر الجين A هو α :

$$\alpha = \frac{(\text{قيمة AA})\ (\text{تكرار AA}) + (\text{قيمة Aa})\ (\text{نصف تكرار Aa})}{(\text{تكرار AA}) + (\text{نصف تكرار Aa})} - \text{المتوسط العام} \quad ...(٧,٢٧)$$

$$\therefore \alpha = \frac{(20)\ (0.64) + (18)\ (0.16)}{0.64 + 0.16} - 19.04$$

$$= 19.6 - 19.04 = 0.56cm$$

متوسط أثر الجين a هو β :

$$\beta = \frac{(\text{قيمة aa})(\text{تكرار aa}) + (\text{قيمة Aa})(\text{نصف تكرار Aa})}{(\text{تكرار aa}) + (\text{نصف تكرار Aa})} - \text{المتوسط العام} \quad ...(٧,٢٨)$$

$$\therefore \beta = \frac{(12)(0.04) + (18)(0.16)}{0.04 + 0.16} - 19.04$$
$$= 16.8 - 19.04 = -2.24cm$$

وهي القيم نفسها التي تم الحصول عليها سابقا بأسلوب فالكونر.

ب) أسلوب Kempthorne بمعلومية تكرار الجين وانحرافات القيم المظهرية عن المتوسط العام

طبقا لأسلوب Kempthorne فإذا رمزنا لقيمة زيادة أو انحراف كل تركيب وراثي عن المتوسط العام بالرموز التالية :

i = انحراف القيمة المظهرية للتركيب الوراثي AA عن المتوسط العام للعشيرة.

j = انحراف القيمة المظهرية للتركيب الوراثي Aa عن المتوسط العام للعشيرة.

k = انحراف القيمة المظهرية للتركيب الوراثي aa عن المتوسط العام للعشيرة.

ويمكن التعبير عن هذه المعادلات كمحصله لتكرار الجين كما يلي :

التراكيب الوراثية	**AA**	**Aa**	**aa**
تكرار التراكيب الوراثية	P^2	$2pq$	q^2
انحراف القيم المظهرية عن المتوسط العام	i	j	k
تكرار التراكيب الوراثية × انحراف القيم المظهرية عن متوسط العشيرة	ip^2	$2jpq$	kq^2

متوسط أثر الجين A هو α :

$$\alpha = (ip^2 + jpq) / (p^2 + pq) = (ip^2 + jpq) / (p^2 + p(p-q))$$
$$= (ip^2 + jpq) / (p^2 + p - p^2) = p(ip + jp) / p$$

$$\therefore \alpha = ip + jq \quad \text{......................} (٧, ٢٩)$$

ويمكن إيجاد متوسط أثر الجين a بالتعويض كما سبق :

$$\therefore \beta = jp + kq \quad \text{......................} (٧, ٣٠)$$

وبتطبيق هاتين العلاقتين على المثال السابق نجد التالي :

$$p_A = 0.8 \qquad q_a = 0.2$$

انحراف التركيب الوراثي AA عن المتوسط العام (i)= ٢٠ - ١٩,٠٤ =٠,٩٦ سم.
انحراف التركيب الوراثي Aa عن المتوسط العام (j) = ١٨ - ١٩,٠٤= - ١,٠٤ سم.
انحراف التركيب الوراثي aa عن المتوسط العام (k) = ١٢ - ١٩,٠٤= - ٧,٠٤ سم.

وبالتالي فإن متوسط أثر الجين A هو α :

$$\alpha = ip + jq = (0.96)(0.8) + (-1.04)(0.2) = 0.56 \text{ cm}$$

وأن متوسط أثر الجين a هو β :

$$\beta = jp + kq = (-1.04)(0.8) + (0.2)(-7.04) = -2.24 \text{ cm}$$

وهى نفس النتائج التي حصلنا عليها سابقا.

وفى النهاية يمكن تلخيص ما سبق بأن متوسط أثر الجين يمكن حسابه بأسلوب Kempthorne بطريقتين هما :

الطريقة الأولى بمعلومية :	الطريقة الثانية بمعلومية :
١- متوسط العشيرة.	١- متوسط العشيرة.
٢- تكرار التراكيب الوراثية.	٢- تكرار الجين .
٣- القيم المظهرية.	٣- انحرافات القيم المظهرية للتراكيب الوراثية عن المتوسط العشيرة العام.

(٧, ١٠, ٢) متوسط أثر إبدال الجين Average effect of gene substitution

معناه إذا كان لدينا عشيرة معينة وأبدلنا فيها جين ما بجين آخر كما هو الحال في حالة الانتخاب لصالح الجينات المرغوبة واستبعاد الجينات غير المرغوب فيها فماذا يكون أثر ذلك على المتوسط، ولتوضيح ذلك نفترض العشيرة نفسها الموضحة في المثال السابق :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية (F)	0.64	0.32	0.04
القيمة المظهرية بالسم (X)	20	18	12

(٧, ١٠, ٢, ١) إيجاد متوسط أثر إبدال الجين بأسلوب Falconer

يمكن إيجاد متوسط أثر إبدال الجين باستخدام معادلات Falconer والتي تتلخص في :

متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a هو :

$$\Phi_A = a + d\,(q - p) \qquad (٧, ٣١)$$

وفي المثال السابق نجد أن متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a هو :

$$\Phi_A = 4 + 2\,(0.2 - 0.8) = 2.8 \text{ cm}$$

ويعني هذا الرقم أنه عند إبدال الجين A محل الجين a فإن الأفراد التي تحمل الجين A سيزيد طول جسمها بمقدار ٢,٨ سم عن نقطة الوسط وهي ١٦ سم.

ومتوسط أثر إبدال الجين a محل الجين A هو :

$$\Phi_a = -[a + d\,(q - p)] \qquad (٧, ٣٢)$$

$$\therefore \Phi_a = -[4 + 2\,(0.2 - 0.8)] = -2.8 \text{ cm}$$

ويعني هذا الرقم أنه عند إبدال الجين a محل الجين A فإن الأفراد التي تحمل الجين a سينقص طول جسمها بمقدار ٢,٨ سم عن نقطة الوسط.

(٢, ٢, ١٠, ٧) حساب متوسط أثر إبدال الجين بأسلوب Kempthorne

أشار Kempthorne بأن متوسط أثر إبدال الجين يمكن حسابه بأسلوبين هما :

أسلوب Kempthorne الأول عند الأخذ في الاعتبار:	أسلوب Kempthorne الثاني عند الأخذ في الاعتبار:
١- تكرار التراكيب الوراثية.	١- تكرار الجين.
٢- انحراف القيم المظهرية عن المتوسط العام للعشيرة نتيجة إحلال الجين بأليله (S).	٢-انحراف القيم المظهرية نتيجة إحلال الجين بأليله والتي يرمز لها بالرمز S.

فإذا أريد دراسة أثر إبدال الجين a بأليله A فسيلاحظ أن هناك ٠,٠٤ من الأفراد تتحول من aa إلى Aa فتزداد قيمتها من ١٢ إلى ١٨ أي ٦ سم. بينما هناك ٠,١٦ من الأفراد ستتحول من Aa إلى AA فتزداد قيمتها من ١٨ إلى ٢٠ أي ٢ سم (وهنا ذكرنا ٠,١٦ فقط؛ لأن نصف Aa يتبع A والنصف الآخر يتبعa). إذن انحراف القيمة المظهرية من تحويل التركيب aa إلى Aa هو :

$$S_1 = 18 - 12 = 6 \text{ cm}$$

وانحراف القيمة المظهرية من تحويل التركيب Aa إلى AA هو :

$$S_2 = 20 - 18 = 2 \text{ cm}$$

- **أسلوب Kempthorne الأول لتقدير متوسط أثر إبدال الجين**

متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a والذي يرمز له بالرمز Φ_A يكون :

$$\Phi_A = \frac{(\text{تكرار التركيب AA})\,(+S_2) + (\text{نصف تكرار التركيب Aa})\,(+S_1)}{(\text{تكرار التركيب AA}) + (\text{نصف تكرار التركيب Aa})} \quad \ldots\ (٧,٣٢)$$

$$\therefore \Phi_A = \frac{(٠,٦٤)(٢) + (٠,١٦)(٦)}{٠,٦٤ + ٠,١٦} = ٢,٨ \text{ سم}$$

أي أن متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a سيزيد المتوسط بمقدار ٢,٨ سم.

وأن متوسط أثر إبدال الجين a محل الجينA والذي يرمز له بالرمز Φ_a يكون :

$$\Phi_a = \frac{(\text{تكرار التركيب aa})\ (-S_1) + (\text{نصف تكرار التركيب Aa})\ (-S_2)}{(\text{تكرار التركيب aa}) + (\text{نصف تكرار التركيب Aa})} \quad \ldots\ldots(٧,٣٣)$$

$\therefore$ Φ_a = [[(٠,٠٤) (−٦) + (٠,١٦) (−٢)] ÷ (٠,٠٤ + ٠,١٦)] = −٢,٨ سم

أي أن استبدال الجين a محل الجين A سينقص المتوسط بمقدار ٢,٨ سم.

أي أن متوسط أثر إبدال الجين A محل الأليل a = − متوسط أثر إبدال الجين a محل الأليل A في نفس العشيرة. هذا ويمكن حساب متوسط أثر إبدال كل جين وذلك بطرح متوسطي أثر الجين من بعضهما. فمثلاً وبالتعويض عن قيم α ، β نجد أن :

متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a= متوسط أثر الجين A− متوسط أثر الجين a

$$\alpha - \beta = 0.56 - (-2.24) = +2.8 \text{ cm}$$

متوسط أثر إبدال الجينa محل الجين A = متوسط أثر الجين a − متوسط أثر الجين A

$$\beta - \alpha = -2.24 - 0.56 = -2.8 \text{ cm}$$

وهى النتائج نفسها المتحصل عليها سابقا.

- **أسلوب Kempthorne الثاني لحساب متوسط أثر إبدال الجين**

يمكن إيجاد متوسط أثر إبدال الجين في العشيرة بمعلومية تكرار الجين وانحراف القيم المظهرية نتيجة إحلال الجين بأليله. أي أن :

متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين (Φ_A) a يكون :

$$\Phi_{A=} (s_1q^2 + s_2pq) / (q^2 + pq) = q(s_1q + s_2p) / q(q + p)$$

$$\therefore \Phi_A = \mathbf{s_2p + s_1q} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (٧,٣٤)$$

متوسط أثر إبدال الجين a محل (Φ_a) A يكون :

$$\Phi_a = [(-s_2)(p^2) + (-s_1)(pq)] / (p^2 + pq) =$$
$$p[(-s_2)(p) + (-s_1)(q)] / p(p + q)$$

$$\therefore \Phi_a = \mathbf{(-s_2)p + (-s_1)q} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (٧,٣٥)$$

وفى المثال السابق نجد أن متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a هو :

$$\Phi_A = s_2p + s_1q = (2)\ (0.8) + (6)(0.2) = 2.8 \text{ cm}$$

وكذلك متوسط أثر إبدال الجين a محل الجين A هو :

$$\Phi_a = (-s_2)(p) + (-s_1)(q) = (-2)\ (0.8) + (-6)(0.2) = -2.8 \text{ cm}$$

(٧, ١٠, ٣) القيمة التربوية Breeding value

وهى القيمة الوراثية التجمعية Additive genetic value والتي تعبر عن الأثر التجمعي للجينات وسميت بالقيمة التربوية، لأنها تورث للنسل الناتج ولذلك فهي تتعلق بمتوسط التراكيب الوراثية للأبناء في الأجيال المقبلة. هذا وتحسب القيمة التربوية باستخدام أسلوبي Falconer، Kempthorne من المثال السابق.

(٧, ١٠, ٣, ١) تقدير القيمة التربوية بأسلوب Falconer

يمكن إيجاد القيمة التربوية للتراكيب الوراثية كانحراف عن نقطة الوسط باستخدام معادلات Falconer والتي تتخلص في التالي :

القيمة التربوية للتركيب الوراثي AA كانحراف عن نقطة الوسط (A_{AA}) هي :

(٧, ٣٦) .... $\mathbf{A_{AA} = 2q\Phi = 2q\ [a + d\ (q - p)]}$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي Aa كانحراف عن نقطة الوسط (A_{Aa}) هي :

(٧, ٣٧) .... $\mathbf{A_{Aa} = (q-p)\ \Phi = q[a + d\ (q - p)] - p[a + d\ (q - p)]}$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي aa كانحراف عن نقطة الوسط (A_{aa}) هي:

(٧, ٣٨) .... $\mathbf{A_{aa} = -2p\ \Phi = -2p[a + d\ (q - p)]}$

وفي المثال السابق حيث Φ = ٢,٨ ومن ثم نجد أن القيمة التربوية للتركيب الوراثي AA كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$A_{AA} = 2q\Phi = 2q[a + d\ (q - p)] = 2(0.2)[4+2(0.2 - 0.8)]$$

$$= 2(0.2)(2.8) = 1.12 \text{ cm}$$

وأن القيمة التربوية للتركيب الوراثي Aa كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$A_{Aa} = (q-p)\Phi = (0.2-0.8)(2.8) = -1.68 \text{ cm}$$

وباستخدام الصيغة الثانية فإن القيمة التربوية للتركيب الوراثي Aa كانحراف عن نقطة الوسط تكون :

$$A_{Aa} = q[a + d(q - p)] - p[a + d(q - p)] =$$
$$0.2[4 + 2(0.2 - 0.8)] - 0.8[4 + 2(0.2 - 0.8)] =$$
$$0.56 - 2.24 = -1.68 \text{ cm}$$

وأن القيمة التربوية للتركيب الوراثي aa كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$A_{aa} = -2p\Phi = -2p[a + d(q - p)] =$$
$$-2(0.8)[4 + 2(0.2 - 0.8)] = -2(0.8)(2.8) =$$
$$-2(2.24) = -4.48 \text{ cm}$$

ومن ثم فإن القيم التربوية الفعلية للتراكيب الوراثية الثلاثة يمكن استخراجها من خلال إضافة المتوسط العام للعشيرة إلى القيمة التربوية لكل تركيب وراثي محسوب كانحراف عن نقطة الوسط:

$$A_{AA} = 19.04 + 1.12 = 20.16 \text{ cm}$$
$$A_{Aa} = 19.04 - 1.68 = 17.36 \text{ cm}$$
$$A_{aa} = 19.04 - 4.48 = 14.56 \text{ cm}$$

(٢, ٣, ١٠, ٧) تقدير القيمة التربوية بأسلوب Kempthorne

القيمة التربوية للتركيب الوراثي AA

= ٢(متوسط أثر الجين A) + المتوسط العام .... (٧, ٣٩)

$$\therefore A_{AA} = 2(0.56) + 19.04 = 1.12 + 19.04 = 20.16 \text{ cm}$$

القيمة التربوية للتركيب الوراثي Aa

=(متوسط أثر الجين A + متوسط أثر الجين a) + المتوسط العام .. (٧, ٤٠)

$$\therefore A_{Aa} = 0.56 + (-2.24) + 19.04 = 17.36 \text{ cm}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي aa

= ٢ (متوسط أثر الجين a) + المتوسط العام ....(٧, ٤١)

$$\therefore A_{aa} = 2(-2.24) + 19.04 = 14.56 \text{ cm}$$

كما أن متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a هو:

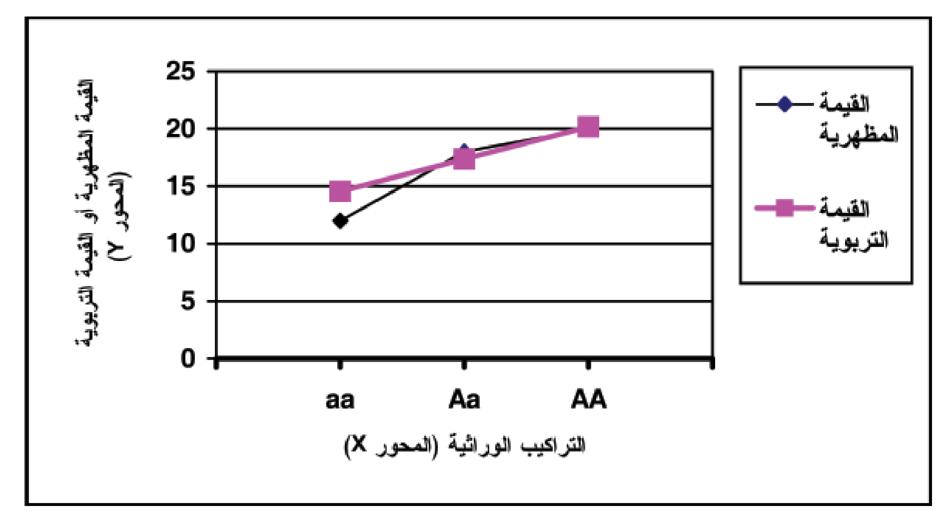
$$\Phi_A = A_{AA} - A_{Aa} = 20.16 - 17.36 = 2.8 \text{ cm}$$

وأن متوسط أثر إبدال الجين a محل الجين A هو:

$$\Phi_a = A_{aa} - A_{Aa} = 14.56 - 17.36 = -2.8 \text{ cm}$$

وعموما فإن استخدام أسلوب Falconer أو Kempthorne في تقدير القيمة التربوية للتراكيب الوراثية يؤدي إلى نتيجة واحدة كما هو واضح من نتائج المثال السابق.

والشكل رقم (٣, ٧) يوضح خط اعتماد القيم المظهرية على التراكيب الوراثية ونلاحظ من هذا الشكل رقم (٣, ٧) أن جميع القيم التربوية للتراكيب الوراثية الثلاثة تقع على خط مستقيم Linear وهذا الخط يمثل انحدار القيم التربوية على التراكيب الوراثية. ويلاحظ منه كذلك أن خط انحدار القيم المظهرية لم يتطابق مع خط القيم التربوية، وهذا يدل على أن للجين تأثير سيادي Dominant effect، أما إذا تقارب الخطان أو تطابقا فهذا يدل على أن الجين له تأثير تجمعي Additive effect.



الشكل رقم (٣, ٧). خط انحدار القيم التربوية والقيم المظهرية على التراكيب الوراثية التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.

(٧, ١١) تقدير انحرافات القيم الوراثية وانحرافات السيادة عن متوسط العشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

(٧, ١١, ١) تقدير القيمة الوراثية (G)

أشار Falconer في كتابه(Falconer, 1989) إلى تقدير القيمة الوراثية كانحراف عن نقطة الوسط في حاله موقع واحد به أليلان. فلو أخذ التركيب الوراثي AA كمثال نجد أن القيمة الوراثية لهذا التركيب كانحراف عن نقطة الوسط = قيمة انحراف AA عن نقطة الوسط – متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط.

وعليه فإن القيمة الوراثية للتركيب الوراثي AA كانحراف عن نقطة الوسط (G_{AA}) تكون :

$$G_{AA} = a - [a(p - q) + 2dpq]$$
$$= a - ap + aq - 2dpq$$
$$= a(1-p+q) - 2dpq$$
$$= a[1-(1-q) + q] - 2dpq$$
$$= a[1- 1 + q + q] - 2dpq$$
$$= a(2q) - 2dpq = 2aq - 2dpq$$
$$\therefore \mathbf{G_{AA} = 2q(a - dp)} \quad \text{..................} (٧, ٤٢)$$

بالمثل يمكن إيجاد القيمة الوراثية للتراكيب الوراثيةAa ، aa كانحراف عن نقطة الوسط كما هو موضح بعد :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية	P^2	2pq	q^2
انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	d	-a
القيمة الوراثية Genotypic value (G)	2q(a-dp)	a(q-p)+ d(1-2pq)	-2p(a+dq)

(٧, ١١, ٢) تقدير انحرافات السيادةDominance deviations

تنشأ انحرافات السيادة كانحراف عن نقطة الوسط عن وجود تفاعل أليلي داخل الموقع الجيني الواحد. وبما أن القيمة الوراثية = القيمة التربوية + انحراف السيادة :

$$\therefore \mathbf{G = A + D}$$

ومن ثم يمكن إيجاد انحراف السيادة بطرح القيمة التربوية من القيمة الوراثية. أي أن:

$$D = G - A$$

وبالتالي فإن انحراف السيادة للتركيب الوراثي AA كانحراف عن نقطة الوسط يكون:

$$D_{AA} = 2q(a - dp) - 2q\Phi$$
$$= 2q(a\text{-}dp) - 2q[a + d(q\text{-}p)]$$
$$= 2q[a - dp - a - d(q - p)]$$
$$= 2q[-dp - dq + dp]$$

$$\therefore D_{AA} = -2dq^2 \quad \text{........................} (٧, ٤٣)$$

وكذلك يمكن حساب انحرافات السيادة للتراكيب الوراثية Aa، aa كانحراف عن نقطة الوسط كما يلي :

$$D_{Aa} = [a(q\text{-}p) + d(1\text{-}2pq)] - [(q\text{-}p)\Phi] = 2dpq$$
$$D_{aa} = [-2p(a+dq)] - [-2p\Phi]$$

$$\therefore D_{Aa} = -2dq^2 \quad \text{........................} (٧, ٤٤)$$

هذا ويمكن توضيح تقدير انحرافات القيم الوراثية وانحرافات السيادة كانحراف عن نقطة الوسط في الجدول رقم (٣, ٧).

الجدول رقم (٣, ٧). كيفية تقدير انحرافات القيم الوراثية وانحرافات السيادة بالعشيرة كانحراف عن نقطة الوسط.

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية	p^2	2pq	q^2
انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	d	-a
الانحرافات عن نقطة الوسط Deviations from mid-point :			
القيمة التربوية Additive value (A)	$2q\Phi$	$(q\text{-}p)\Phi$	$-2p\Phi$
انحراف السيادة Dominance deviation (D)	$-2dq^2$	2dpq	$-2dp^2$
القيمة الوراثية Genotypic value (G)	2q(a –dp)	a(q-p) + d(1-2pq)	-2p (a+dq)

وبالرجوع للمثال السابق لطول الجسم في الأرانب فإن متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط هو :

$$Mean = a (p - q) + 2dpq = 3.04 \text{ cm}$$

وأن متوسط أثر إبدال الجين (Φ) هـــو:

$$\Phi = a + d (q - p) = 2.8 \text{ cm}$$

ومن ثم يمكن حساب انحرافات السيادة(D) للتراكيب الوراثية الثلاثة كانحراف عن نقطة الوسط كما هو موضح لاحقاً :

$$D_{AA} = -2dq^2 = -2(2)(0.2)^2 = -0.16 \text{ cm}$$
$$D_{AA} = 2dpq = 2(2)0.8)(0.2) = 0.04 \text{ cm}$$
$$D_{AA} = -2dp^2 = -2(2)(0.8)^2 = -2.56 \text{ cm}$$

والقيمة الوراثية للتركيب الوراثي AA كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$G_{AA} = 2q(a-dp)= 2(0.2)[4-(2)(0.8)]= 0.96 \text{ cm}$$

والقيمة الوراثية للتركيب الوراثي Aa كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$G_{Aa} = a(q-p)+d(1-2pq)= 4(0.2-0.8)+2[1-2(0.8)(0.2)] =$$
$$-3+1.36 = -1.64 \text{ cm}$$

والقيمة الوراثية للتركيب الوراثي aa كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$G_{aa} = -2p(a+dq)=-2(0.8)[4+(2)(0.2)]=-7.04 \text{ cm}$$

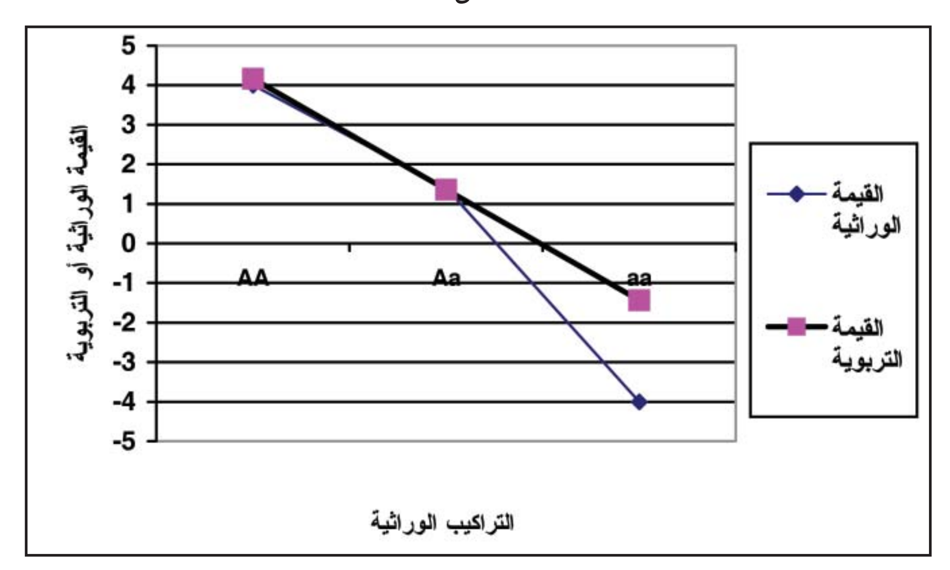
التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية	0.64	0.32	0.04
انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط	a=4	d=2	(-a=-4)
القيمة التربوية (A)	1.12	-1.68	-4.48
انحراف السيادة (D)	-0.16	0.04	-2.56
القيمة الوراثية (G)	0.96	-1.64	-7.04

وعامة بطرح القيمة التربوية لكل تركيب وراثي من القيمة الوراثية المناظرة لكل تركيب نحصل علي انحرافات السيادة لكل تركيب كانحراف عن نقطة الوسط.

وبإضافة متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط (٣,٠٤ سم) لكل من القيم الوراثية والتربوية وانحرافات السيادة تصبح هذه القيم كما يلي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
القيمة الوراثية (G)	4	1.4	-4
القيمة التربوية (A)	4.16	1.36	-1.44

هذا ويمكن توضيح البيانات السابقة في الشكل رقم (٤ ,٧) لمعرفة اعتماد القيم الوراثية أو التربوية على التراكيب الوراثية بالعشيرة لتوضيح انحرافات السيادة. هذا ويلاحظ أن انحرافات السيادة تساوى صفرا إذا كانت قيمة d = صفر (غياب السيادة) ومن ثم فإن القيمة الوراثية تساوى القيمة التربوية. وفى هذه الحالة فإن الجينات يقال عليها جينات تجمعيه Additive genes أو تفعل تجمعياAct additively.



الشكل رقم (٤ ,٧). اعتماد القيم الوراثية أو التربوية على التراكيب الوراثية بالعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.

هذا ويمكن إثبات أن متوسط القيمة التربوية Mean breeding value يساوى متوسط القيمة الوراثية Mean Genotypic value (لأن متوسط انحراف السيادة = صفر) وذلك بضرب انحراف السيادة في تكرار كل تركيب وراثي وجمع الناتج. أي أن متوسط انحراف السيادة Mean dominance deviation هو :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية (F)	P^2	2pq	q^2
انحراف السيادة (D)	$-2dq^2$	2dpq	$-2dp^2$
F X D	$-2dp^2q^2$	$4dp^2q^2$	$-2dp^2q^2$

$$-2dp^2q^2 + 4dp^2q^2 - 2dp^2q^2 = \text{Zero}$$

أي أن متوسط انحراف السيادة = متوسط القيمة التربوية في حالة أن يكون انحراف السيادة يساوى صفرا.

مثال محلول : في مثال القزمية للفئران السابق شرحه احسب انحراف السيادة عن متوسط العشيرة في حالة أن تكون q = 0.1 وكذلك عندما تكون q = 0.4 ؟

الحل

a = 4 gm   d = 2 gm

متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط عندما تكون q = 0.1 هو:

$$\text{Mean} = a\,(p - q) + 2dpq =$$

$$4\,(0.9 - 0.1) + 2\,(2)\,(0.9)\,(0.1) = 3.56 \text{ gm}$$

وبما أن نقطة الوسط تساوى ١٠ جم فإن متوسط العشيرة الفعلي يكون:

$$10 + 3.56 = 13.56 \text{ gm}$$

وكذلك فإن متوسط العشيرة عندما تكون q = 0.4 هو ١١,٧٦ جم.

ولحساب انحراف السيادة يجب حساب القيم الوراثية والتربوية للتراكيب الوراثية الثلاثة كالآتي :

القيمة الوراثية للتركيب الوراثي PP كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$G_{PP} = 2q\,(a - dp) = 2\,(0.1)[4 - (2)(0.9)] = 0.44 \text{ gm}$$

والقيمة الوراثية للتراكيب الوراثي Pp كانحراف عن نقطة الوسط هي:

$$G_{Pp} = a\,(q - p) + d(1 - 2pq) = -1.56 \text{ gm}$$

والقيمة الوراثية للتركيب الوراثيpp كانحراف عن نقطة الوسط هي:

$$G_{pp} = -2p\,(a + dq) = -7.56 \text{ gm}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي (PP) كانحراف عن نقطة الوسط هي:

$$A_{PP} = 2q\Phi = 2q[(a + d(q - p)] =$$

$$2(0.1)\,[4 + 2\,(0.1 - 0.9)] = (0.2)(2.4) = 0.48 \text{ gram}$$

وبالتالي فإن قيمة Φ تكون:

$$\Phi = a + d\,(q-p) = 2.4 \text{ gram}$$

كذلك يمكن إيجاد القيمة التربوية للتراكيب الوراثية pp، Pp كانحراف عن نقطة الوسط مما سبق شرحه حيث نجد أن :

القيمة التربوية للتركيب الوراثي Pp كانحراف عن نقطة الوسط = – ١,٩٢ جم.

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي pp كانحراف عن نقطة الوسط = – ٤,٣٢ جم.

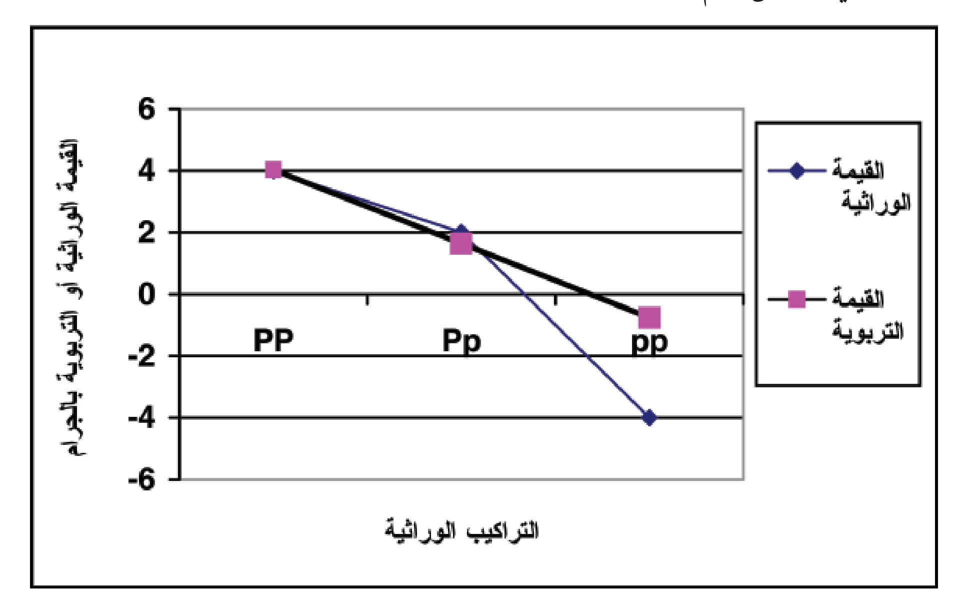
وبالتالي يمكن توضيح حساب انحرافات السيادة للحالتين في الجدول التالي :

	q=0.1			q=0.4		
التراكيب الوراثية	PP	Pp	pp	PP	Pp	pp
تكرار التراكيب الوراثية (F)	0.81	0.18	0.01	0.36	0.48	0.16
القيمة الوراثية (G)	+0.44	-1.56	-7.56	+2.24	+0.24	-5.76
القيمة التربوية (A)	+0.48	-1.92	-4.32	+2.88	-0.72	-4.32
انحراف السيادة (D)	-0.04	+0.36	-3.24	-0.64	+0.96	-1.44

وبإضافة متوسط العشيرة (٣,٥٦ جم) لكل من القيم الوراثية والتربوية الموجودة في الجدول السابق تصبح هذه القيم كما يلي :

	q = 0.1			q = 0.4		
التراكيب الوراثية	PP	Pp	pp	PP	Pp	pp
القيمة الوراثية (G)	4.0	2	-4	5.8	3.8	-2.2
القيمة التربوية (A)	4.04	1.64	-0.76	6.44	2.84	-0.70

هذا ويمكن توضيح العلاقة بين القيم الوراثية والقيم التربوية وانحرافات السيادة في الشكل رقم (٧,٥).



الشكل رقم (٥,٧). العلاقة بين القيم الوراثية والقيم التربوية وانحرافات السيادة بالعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.

تمرين للحل : يستكمل حل الحالة الثانية من المثال السابق مع توضيح النتائج بيانياً.

مثال محلول: فيما يلي بيانات صفة ما لعشيرة من الماعز تتزاوج عشوائياً :

التركيب الوراثي	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية	0.36	0.48	0.16
القيمة المظهرية للتركيب الوراثي بالوحدات	28	24	16

فما هو متوسط العشيرة الفعلي ثم احسب الآتي :

١- القيمة الوراثية لكل تركيب من التراكيب الوراثية الثلاثة.

٢- القيمة التربوية لكل تركيب وراثي على حدة.

٣- انحرافات السيادة لكل تركيب وراثي على حدة ثم حقق نتائجك بأن G = A + D ثم وضح ذلك بيانيا.

التراكيب الوراثية	AA	Aa	Midpoint	aa
انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	d	0	-a
تكرار التراكيب الوراثية	p^2	2pq		q^2
القيم المظهرية بالوحدات	28	24		16

نقطة الوسط = (٢٨ + ١٦) ÷ ٢ = ٢٢ وحدة.

قيمة a = ٢٨-٢٢=٦ وحدة.

قيمة d = ٢٤-٢٢=٢ وحدة.

$$p = 0.36 + \tfrac{1}{2}(0.48) = 0.6 \qquad q = 0.4$$

القيمة الوراثية للتركيب الوراثي AA كانحراف عن نقطة الوسط (G_{AA}) تكون:

$$G_{AA} = 2q(a-dp) = 2(0.4)[6-2(0.6)] = 3.84 \text{ unit}$$

والقيمة الوراثية للتركيب الوراثي Aa كانحراف عن نقطة الوسط (G_{Aa}) تكون:

$$G_{Aa} = a(q - p) + d(1 - 2pq) = 6(0.4 - 0.6) + 2[1 - 2(0.6)(0.4)] = -0.16 \text{ unit}$$

والقيمة الوراثية للتركيب الوراثي aa كانحراف عن نقطة الوسط (G_{aa}) تكون:

$$G_{aa} = -2p(a + dq) = -2(0.6)[6 + 2(0.4)] = -8.16 \text{ unit}$$

القيمة التربوية للتركيب AA كانحراف عن نقطة الوسط (A_{AA}) هي:

$$A_{AA} = 2q\,\Phi = 2q[a + d(q - p)] = 2(0.4)[6 + 2(0.4 - 0.6)] = 4.48 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب Aa كانحراف عن نقطة الوسط (A_{Aa}) هي:

$$A_{Aa} = (q - p)[a + d(q - p)] = (0.4 - 0.6)[6 + 2(0.4 - 0.6)] = -1.12 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب aa كانحراف عن نقطة الوسط (A_{aa}) هي:

$$A_{aa} = -2p[a + d(q - p)] = -2(0.6)[5.6] = -6.72 \text{ unit}$$

متوسط العشيرة كانحراف عن نقطة الوسط:

$$\text{Mean} = a(p - q) + 2dpq = 6(0.6 - 0.4) + 2(2)(0.6)(0.4) = 2.08 \text{ unit}$$

متوسط العشيرة الفعلي = ٢,٠٨ + نقطة الوسط = ٢,٠٨ +٢٢= ٢٤,٠٨ وحدة.

هذا ويمكن حساب انحرافات السيادة لكل تركيب وراثي وذلك بطرح القيمة التربوية من القيمة الوراثية كما هو موضح فيما يلي:

التركيب الوراثي	AA	Aa	aa
القيمة الوراثية G	3.84	-0.16	-8.16
القيمة التربوية A	4.48	-1.12	-6.72
انحراف السيادة D	-0.64	0.96	-1.44

ويمكن التحقق من حساب قيمة انحرافات السيادة الموجودة في الجدول السابق وذلك بحسابها من المعادلات التالية :

$$D_{AA} = -2dq^2 = -2(2)(0.4)^2 = -0.64 \text{ unit}$$

$$D_{Aa} = 2dpq = 2(2)(0.4)(0.6) = 0.96 \text{ unit}$$

$$D_{aa} = -2dp^2 = -2(2)(0.6)^2 = -1.44 \text{ unit}$$

تمرين للحل : فيما يلي عشيرة من الأغنام تتزاوج عشوائياً وكان متوسط طول ألياف الصوف للأفراد الأصيلة والخليطة والتكرار الزيجوتي لها كما يلي :

التركيب الوراثي	FF	Ff	ff
نسب التوزيع الزيجوتى	0.55	0.36	0.09
القيمة المظهرية بالسم	15	12	8

احسب القيم التربوية للتراكيب الوراثية الثلاثة ؟

(٧, ١٢) تقسيم التباين المظهري للعشيرة إلى مكوناته بمعلومية تكرار التراكيب الوراثية والمتوسط والقيمة التربوية

في حالة موقع جيني واحد نجد أن: $\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D$

هذا ويمكن حساب التباين المظهري للثلاثة تراكيب وراثية مجتمعة طبقا للمعادلة الآتية :

$$\sigma^2_P = \sum F (P - \overline{P})^2 \quad \text{......................(٧, ٤٥)}$$

حيث P = القيمة المظهرية للتركيب الوراثي، $\overline{P}$ = متوسط مظهر الصفة، F = تكرارات التراكيب الوراثية. ومن ثم فإن التباين المظهري للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون :

$$\sigma^2_P = F_{AA} (P_{AA} - \overline{P})^2 + F_{Aa} (P_{Aa} - \overline{P})^2 + F_{aa} (P_{aa} - \overline{P})^2 \quad \text{......(٧, ٤٦)}$$

هذا ويمكن تقسيم التباين المظهري للثلاثة تراكيب وراثية مجتمعة إلى مكوناته وهى التباين التجمعي والتباين السيادي مع إغفال التباين البيئي كما يلي :

حساب التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة :

$$\sigma^2_A = \sum F (A - \overline{P})^2 \quad \text{......................(٧, ٤٧)}$$

وبما أن A هي القيمة التربوية لكل تركيب وراثي، ومن ثم فإن التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون :

$$\sigma^2_A = F_{AA} (A_{AA} - \overline{P})^2 + F_{Aa} (A_{Aa} - \overline{P})^2 + F_{aa} (A_{aa} - \overline{P})^2 \quad \text{.......(٧, ٤٨)}$$

حساب التباين السيادي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة :

$$\sigma^2_D = \sum F\,(P - A)^2 \qquad (٧,٤٩)$$

ومن ثم فإن التباين السيادي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون:

$$\sigma^2_D = F_{AA}(P_{AA} - A_{AA})^2 + F_{Aa}(P_{Aa} - A_{Aa})^2 + F_{aa}(P_{aa} - A_{aa})^2 \qquad (٧,٥٠)$$

هذا ويمكن استخدام المعادلات السابقة في حل المثال المذكور سابقا كما يلي:

التركيب الوراثي	التكرار (F)	القيمة المظهرية (P)	القيمة التربوية (A)	FxP	التباين المظهري $F(P-\overline{P})^2$	التباين التجمعي $F(A-\overline{P})^2$	التباين السيادي $F(P-A)^2$
AA	0.64	20	20.16	12.8	0.5898	0.803	0.0164
Aa	0.32	18	17.36	5.76	0.3461	0.903	0.1311
.aa	0.04	12	14.56	0.48	1.9825	0.803	0.2621
Total	1.0			$\overline{P} = \sum FP / \sum F = 19.04$	$\sigma^2_P = \sum F(P-\overline{P})^2 = 2.9184$	$\sigma^2_A = \sum F(A-\overline{P})^2 = 2.509$	$\sigma^2_D = 2.4096$

هذا ويلاحظ على التباين المظهري والمعالم الوراثية للعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات ما يلي :

١- يتوقف متوسط العشيرة وتباينها على قيم التراكيب الوراثية والنسب المختلفة من هذه التراكيب (أي تكرار الجين).

٢- درجة السيادة تحدد أيضا المتوسط والتباين.

٣- يوجد تباين تجمعي أيضا حتى عندما تكون هناك سيادة تامة.

٤- القوانين والمعادلات التي ذكرت سابقا في التباين المظهري ومكوناته والمقاييس الوراثية للعشيرة تنطبق فقط على العشائر التي تتزاوج عشوائيا. أما إذا كانت هناك تربية داخلية Inbreeding أو تزاوج غير عشوائي فإن الموقف يختلف كما سيتضح فيما بعد.

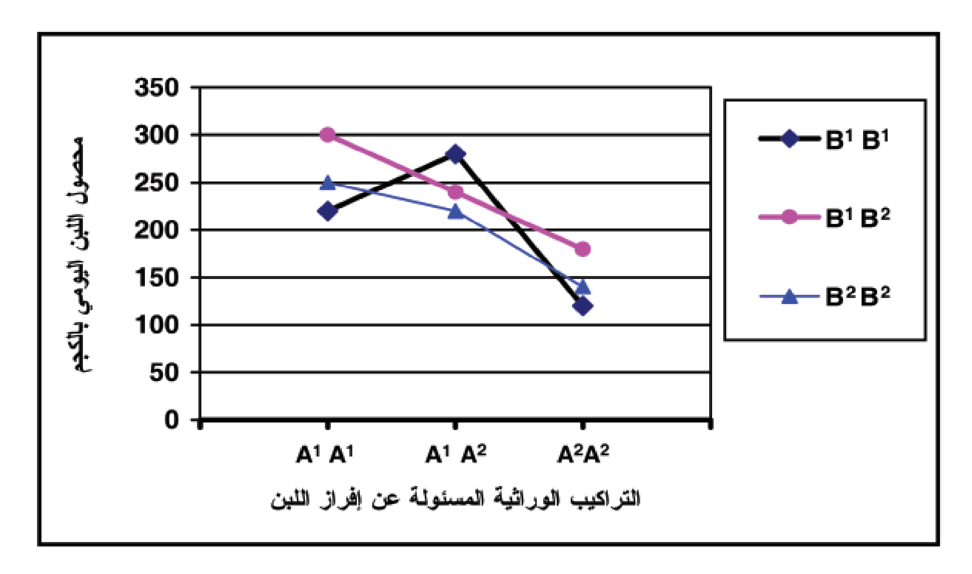
(٧,١٣) تقدير التباين التفوقي في العشيرة التي يحكمها زوجين من الجينات الجسمية (حالة موقعين وراثيين)

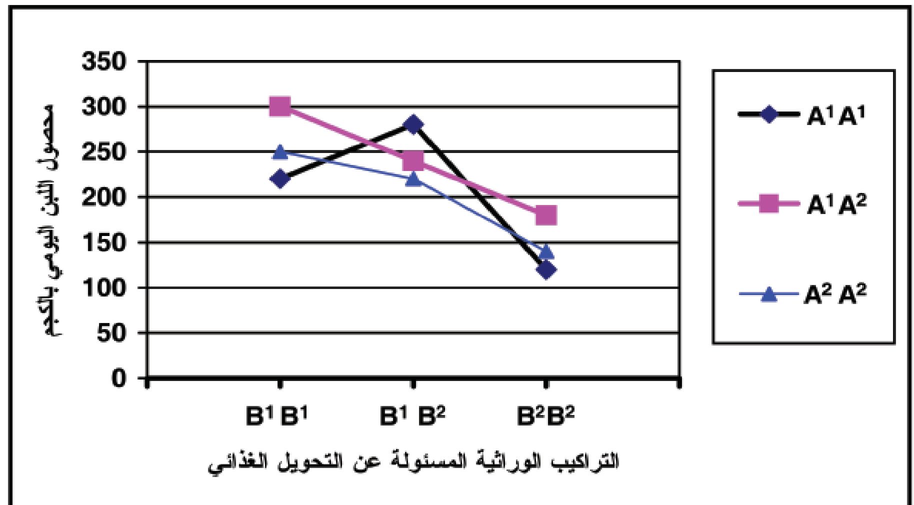
شُرح سابقا حساب التباين الوراثي بالعشيرة في حالة موقع جيني الواحد One locus case، ولكن إذا زاد عدد المواقع الجينية فإن الموقف يختلف كثيرًا إذ يزداد التباين الوراثي مكوناً آخر هو التباين التفوقي Epistasis والذي سيشرح الآن.

(٧,١٣,١) مفهوم التباين التفوقي Concept of Epistatic Variance

من المعلوم أن معظم الصفات الإنتاجية صفات مركبة تعتمد على عدة وظائف فسيولوجية في جسم الحيوان. فمثلاً إنتاج اللبن يتطلب شهية لتناول العليقة بكمية كافية ثم جهازاً هضميا على كفاءة مناسبة ثم عملية امتصاص الأغذية المهضومة ثم التمثيل الغذائي لذلك ثم تكوين اللبن والإدرار. وطبعاً هذا بخلاف العوامل الأخرى مثل أقلمة الحيوان ومعدل التنفس ... إلخ ومن ثم يستنتج أن الصفة الإنتاجية هي محصله لتعاون عدة أجهزة في جسم الحيوان. وللوصول إلى أكبر قدر من الإنتاج يجب أن يتوافر التفاعل بين هذه الأجهزة بعضها مع بعض وبهذا تبدو أهمية تداخل أو تفاعل الجينات Gene interaction. فمثلاً إذا وجدت الجينات الخاصة بكفاءة عملية التحويل الغذائي مع عدم وجود جينات إفراز اللبن فلا أمل في زيادة الإنتاج بينما إذا وجدت جينات التحويل الغذائي ووجود جينات إفراز اللبن زادت فرص الإنتاج الغزير. واختلاف الفروق تسمى بالتداخل الجيني Interaction Gene ويؤدى تداخل الجينات إلى اختلاف الحيوانات في أدائها أو استجابتها ويطلق على هذا النوع من الاختلافات بالتباين التفوقي Epistatic variance. والبيانات التالية تمثل إنتاج اللبن اليومي لسلالة ما في الأرانب والتي يمكن استخدمها لتوضيح وجود التفاعل بيانياً بالشكل رقم (٦ ,٧):

الجينات	جينات إفراز اللبن			
	التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
جينات التحويل الغذائي	B_1B_1	220	280	120
	B_1B_2	300	240	180
	B_2B_2	250	220	140





الشكل رقم (٦, ٧). أثر التفاعل بين زوجين من الجينات الجسمية على صفة محصول اللبن اليومي بالعشيرة (الجين A لإفراز اللبن، والجين B للتحويل الغذائي).

ويلاحظ من الشكل رقم (٦, ٧) تقاطع الخطوط Intersected lines ويدل ذلك على وجود التفاعل بين جينات العاملين. هذا مع العلم بأن توازي الخطوط Paralleled lines يدل على عدم وجود التفاعل. ولتقدير التباين التفوقي في العشيرة التي يحكمها

زوجين من الجينات الجسمية يلزم ذلك تكوين جدول تحليل التباين ANOVA لتحليل التباين الوراثي الكلي لموقعين وراثيين إلى مصادرة أي تباين بسبب الموقع A والموقع B والتفاعل بينهما AXB وكذلك تقسيم التباين الوراثي إلى تباين تجمعي وتباين سيادي للموقعين معاً. ويمكن الرجوع إلى كتاب (Snedecor and Cochran, 1985)أو كتاب جلال وآخرون (١٩٨٩م) لمعرفة كيفية تكوين جدول تحليل التباين.

(٢, ١٣, ٧) مثال محلول لتقدير التباين التفوقي في العشيرة التي يحكمها زوجين من الجينات الجسمية

إذا فرض أن هناك صفة تتأثر بزوجين من الأليلات وكانت p_A = ٠,٣ ، p_B= ٠,٦ وأن القيم المظهرية للتراكيب الوراثية بالوحدات (X) وتكراراتها (f) كانت كالتالي :

التركيب الوراثي	AA $P^2 = 0.09$	Aa 2pq = 0.42	aa $q^2 = 0.49$	Total
BB $P^2 = 0.36$	X = 40 F= 0.032 FX =1.296 $FX^2 = 51.84$	X = 35 F= 0.1512 FX = 5.292 $FX^2 = 185.22$	X = 25 F= 0.1764 FX= 4.41 $FX^2 = 110.25$	∑X = 100 ∑F = 0.36 ∑FX = 10.998 $\sum FX^2 = 347.31$ Mean = ∑FX/∑F= 30.55
Bb 2pq = 0.48	X = 35 F= 0.0432 FX =1.512 $FX^2 = 52.92$	X = 32 F= 0.2016 FX = 6.4512 $FX^2 = 206.438$	X = 20 F= 0.2352 FX = 4.709 $FX^2 = 94.08$	∑X = 87 ∑F = 0.48 ∑FX = 12.6672 $\sum FX^2 = 353.438$ Mean = 26.39
bb $q^2= 0.16$	X = 18 F= 0.019 FX = 0.2592 $FX^2 = 4.6654$	X = 16 F= 0.0672 FX = 1.0752 $FX^2 = 17.2032$	X = 12 F= 0.0784 FX = 0.9408 $FX^2 = 11.2896$	∑X = 46 ∑F = 0.16 ∑FX = 2.2762 $\sum FX^2 = 33.1584$ Mean = 14.22
Total	∑X = 93 ∑F = 0.09 ∑FX= 3.0672 $\sum FX^2= 109.43$ Mean= ∑FX/∑F = 34.08	∑X = 83 ∑F = 0.42 ∑FX= 12.82 $\sum FX^2 = 408.86$ Mean = 30.52	∑X = 57 ∑F = 0.49 ∑FX=10.0598 $\sum FX^2= 215.6$ Mean = 20.52	∑X = 233 ∑F = 1.0 ∑FX = 25.94 $\sum FX^2 = 733.9068$ Mean = 25.94

والمطلوب :

١- تقسيم التباين الوراثي الكلى إلى مصادره (تباين بسبب الموقع A والموقع B والتفاعل بينهم AXB).

٢- تقسيم التباين الوراثي إلى تباين تجمعي وتباين سيادي للموقعين معا.

الحل

حساب معامل التصحيح (CT) Correction Term :

$$CT = (\sum FX)^2 / \sum F = (25.94)^2 / 1 = 672.9$$

حساب مجموع المربعات الكلى (SS_{Total}) Total Sum of Squares :

$$SS_{Total} = \sum FX^2 - CT = 733.9068 - 672.9 = 61.007$$

حساب مجموع مربعات الانحرافات للموقع A (SS_A):

$$SS_A = \sum_A \frac{(\sum FX)^2}{\sum F} - CT$$

$$SS_A = [(3.0672)^2/0.09 + (12.8184)^2/0.42 + (10.0598)^2/0.49] - CT$$

$$= [104.53 + 391.22 + 206.53] - 672.9 = 29.38$$

حساب مجموع مربعات الانحرافات للموقع B (SS_B) :

$$SS_B = \sum_B \frac{(\sum FX)^2}{\sum F} - CT$$

$$SS_B = [(10.998)^2/0.36 + (12.6672)^2/0.48 + (2.2762)^2/0.16] - CT$$
$$= [335.99 + 334.29 + 32.35] - 672.9 = 29.73$$

حساب مجموع مربعات الانحرافات للتفاعل بين الموقع A والموقع B (SS_{AXB}) :

$$SS_{AXB} = SS_{Total} - [SS_A + SS_B] = 61.007 - [29.38 + 29.73] = 1.897$$

وبهذا أمكن تقسيم التباين الوراثي الكلي إلى تباين بسبب الموقع A وتباين بسبب الموقع B وتباين بسبب تداخل الموقع A مع الموقع B. ويمكن وضع هذه النتائج في جدول مبدئي كالآتي :

جدول تحليل التباين ANOVA لتحليل التباين الوراثي لموقعين وراثيين

مصدر التباين Source of variance	درجات الحرية	مجموع المربعات Sum of squares
الموقع الوراثي A	a-1 = 2	29.38
الموقع الوراثي B	b-1 = 2	29.73
A x B	2 x 2 = 4	1.897
التباين الوراثي الكلى للموقعين Total genetic variance	n. – 1 = 8	61.0068

حيث a = عدد التراكيب الوراثية للموقع A ، b = عدد التراكيب الوراثية للموقع B.

وبالطريقة نفسها التي اتبعت في جدول تقسيم التباين الوراثي الكلي في حالة موقع جيني واحد إلى تباين سيادي وتجمعي والسابق الإشارة إليه يمكن تقسيم التباين الوراثي في الموقع A إلى تباين تجمعي وتباين سيادي وكذلك بالنسبة للموقع B باستخدام المعادلة التالية :

$$\sigma^2_G = 2pq[a + d(q-p)]^2 + [2dpq]^2$$

• **للموقع A**

p= 0.3 q= 0.7

نقطة الوسط = (٣٤,٠٨ + ٢٠,٥٢) ÷ ٢ = ٢٧,٣ وحدة

قيمة a (أي انحراف التركيب الوراثي AA عن نقطة الوسط) = ٣٤,٠٨ – ٢٧,٣ = ٦,٧٨ وحدة.

قيمة d (أي انحراف التركيب الوراثي Aa عن نقطة الوسط) = ٣٠,٥٢ – ٢٧,٣ = ٣,٢٢ وحدة.

ومن ثم فإن التباين التجمعي للموقع A يكون:

$$\sigma^2_A = 2pq[a + d(q-p)]^2 = 2(0.3)(0.7)[6.78 + 3.22(0.7 - 0.3)]^2$$

$$= 0.42\ (65.09) = 27.34\ unit^2$$

والتباين السيادي للموقع A هو :

$$\sigma^2_D = (2dpq)^2 = [2(3.22)(0.3)(0.7)]^2 = 1.83 \text{ unit}^2$$

• **للموقع B**

p= 0.6 q= 0.4

نقطة الوسط = (٣٠,٥٥ + ١٤,٢٢) ÷ ٢ = ٢٢,٣٨٥ وحدة

قيمة a (أي انحراف التركيب الوراثي BB عن نقطة الوسط) = ٣٠,٥٥ – ٢٢,٣٨٥ = ٨,١٦٥ وحدة.

قيمة d (أي انحراف التركيب الوراثي bb عن نقطة الوسط) = ٢٦,٣٩ – ٢٢,٣٨٥ = ٤,٠٠٥ وحدة.

ومن ثم فإن التباين التجمعي للموقع B يكون:

$$\sigma^2_A = 2pq[a + d(q\text{-}p)]^2 = 2(0.6)(0.4)[8.165 +4(0.4 – 0.6)]^2$$
$$= 0.48\ (54.23) = 26.03$$

والتباين السيادي للموقع B هـو:

$$\sigma^2_D = (2dpq)^2 = [2(4)(0.6)(0.4)]^2 = 3.7$$

وبذلك يمكن إعادة كتابه الجدول السابق في صورة أكثر تفصيلا كما يلي:

تقسيم التباين الوراثي لموقعين وراثيين إلى تباين تجمعي وتباين سيادي

مجموع المربعات Sum of squares	درجات الحرية	مصدر التباين Source of variance
29.38	a-1 = 2	الموقع الوراثي A
27.34	1	تباين تجمعي
1.83	1	تباين سيادي
29.73	b-1 = 2	الموقع الوراثي B
26.03	1	تباين تجمعي
3.7	1	تباين سيادي
1.897	2 x 2 = 4	A x B
61.007	n. – 1 = 8	التباين الوراثي الكلى للموقعين Total genetic variance

ويمكن وضع النتائج السابقة في صوره أخرى وذلك بجمع كل نوع من التباين مع بعضه. أي جمع التباين التجمعي في كل من الموقع A والموقع B وكذلك جمع التباين السيادي فيهما. ويمكن توضيح ذلك في الجدول التالي :

جدول تحليل التباين الوراثي لموقعين وراثيين

مصدر التباين Source of variance	الرمز Symbol	درجات الحرية	مجموع المربعات Sum of squares
تباين تجمعي Additive	σ^2_A	2	53.37
تباين سيادي Dominance	σ^2_D	2	5.53
تباين تفوقى Epistatic	σ^2_I	4	1.897
التباين الوراثي الكلي للموقعين Total genetic variance	σ^2_G	8	61.007

وإحصائياً فإن التأثير التجمعي يكون خطياً Linear effect والتأثير السيادي يكون غير خطي Quadratic effect ومن ثم فإن التباين التفوقي (الناتج عن التفاعل بين الأثر التجمعي والأثر السيادي بين الموقع A والموقع B) والذي له أربع درجات حرية (درجة حرية لكل تفاعل) يمكن تقسيمه إلى ما يلي :

• تباين نتيجة تفاعل بين الأثر التجمعي للموقع A والأثر التجمعي للموقع B، أي : Linear effect X Linear effect ويرمز لهذا التفاعل σ^2_{AA}.

• تباين نتيجة تفاعل بين الأثر التجمعي للموقع A والأثر السيادي للموقع B، أي: Linear effect X Quadratic effect ويرمز لهذا التفاعل σ^2_{AD}.

• تباين نتيجة تفاعل بين الأثر السيادي للموقع A والأثر التجمعي للموقع B، أي: Quadratic effect X Linear effect ويرمز لهذا التفاعل σ^2_{DA}.

• تباين نتيجة تفاعل بين الأثر السيادي للموقع A والأثر السيادي للموقع B، أي: Quadratic effect X Quadratic effect ويرمز لهذا التفاعل σ^2_{DD}.

تمرين للحل : إذا فرض أن هناك صفة تتأثر بزوجين من الأليلات حيث وكانت p_A = ٠,٨ ، p_B = ٠,٤ وأن القيم المظهرية للتراكيب الوراثية بالوحدات (X) وتكراراتها (f) كانت كالتالي :

التركيب الوراثي	AA	Aa	aa	Total
BB	X = 40 F= FX= FX^2 =	X = 35 F= FX = FX^2 =	X = 25 F= FX = FX^2 =	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$ = $\sum FX^2$= Mean =
Bb	X = 35 F= FX = FX^2 =	X = 32 F= FX = FX^2 =	X = 20 F= FX = FX^2 =	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$ = $\sum FX^2$ = Mean =
bb	X = 18 F= FX = FX^2 =	X = 16 F= FX = FX^2 =	X = 12 F= FX = FX^2 =	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$ = $\sum FX^2$ = Mean =
Total	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$ = $\sum FX^2$ = Mean =	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$= $\sum FX^2$ = Mean =	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$= $\sum FX^2$ = Mean =	$\sum X$ = $\sum F$ = $\sum FX$ = $\sum FX^2$ = Mean =

أكمل الجدول السابق ثم قم بعمل التالي :

١ – تقسيم التباين الكلى إلى مصادرة (تباين بسبب الموقع A والموقع B والتفاعل بينهما AXB).

٢– تقسيم التباين الوراثي إلى تباين تجمعي وتباين سيادي للموقعين معاً.

الفصل الثامن

القرابة والتغاير الوراثي بين الأقارب في العشيرة الحيوانية

(٨,١) مفهوم القرابة
Concept of Relationship

درجة القرابة المراد قياسها هي درجة تشابه أو ارتباط بين وراثة فردين ناتجة عن وجود صلة نسب بينهما Identical by descent. أو بعبارة أخرى احتمال أن الفردين يحملان الجين نفسه بسبب قرابتهما. فمثلا إذا كان الأب تركيبه الوراثي Aa فإن ابنه سيحمل أحد هذين الجينين أي نصف التركيب الوراثي، ومن ثم يمكن القول أن العلاقة بين التركيب الوراثي للأب والتركيب الوراثي لابنه = ٥ , ٠ وهذا ناتج عن عملية الانعزال. وعلاقة الأب والابن (النسل أو النتاج) هي حجر الأساس في جميع علاقات القرابة؛ لأنها جميعا يمكن إرجاعها إلى علاقة اب وابن كما سيتضح فيما بعد. وعندما نقول لفظ أب فالمقصود به أحد الابوين أي الأب أو الأم وعندما نقول ابن فالمقصود بها النسل أو النتاج Progeny أي ابن Son أو بنت Daughter.

(٨,٢) أنماط القرابة

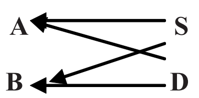
(٨,٢,١) القرابة المباشرة Direct Relationship أو القرابة من الدرجة الأولى

وهي القرابة بين فردين والتي تنشأ من أن يكون أحد الفردين الذي يقاس معامل القرابة بينهما هو أحد أسلاف الآخر وأحياناً يطلق على هذا النوع من القرابة. ومن أمثلة هذه القرابة : القرابة بين الأب وابنه – القرابة بين الجد وأحد أحفاده، وأحيانا تسمى هذه القرابة بصلة الدم.

(٨,٢,٢) القرابة غير المباشرة أو الجانبية Indirect Relationship or Collateral Relatives

هي القرابة التي تنشأ من أن يكون أحد الفردين الذي يقاس معامل القرابة بينهما هو أحد سليله لأب أو لجد مشترك. ومن أمثلة ذلك :

أ) العلاقة بين الأخوة الأشقاء Full-sibs (FS)

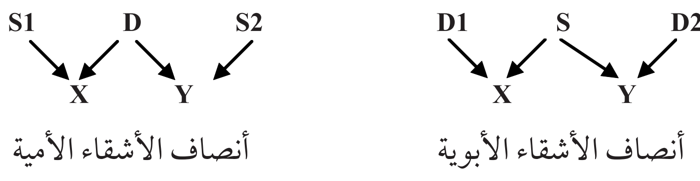


حيث S = الأب Sire ، D = الأم Dam . ففي حالة الأخوة الأشقاء تكون هذه الأخوة مشتركة في أبوين• فالاحتمال أن الابن الأول والابن الثاني يحملان نفس الجينات من الأب = ٠,٥ × ٠,٥ = ٠,٢٥ وكذلك احتمال أنهما يحملان الجينات نفسها من الأم يساوي ٠,٢٥ ومن ثم فإن احتمال أن الابنين يحملان نفس الجينات سواء من الأب أو الأم يكون :

$$(0.50)(0.50) + (0.50)(0.50) = 0.50$$

وهذا يتبع قانوني ضرب وجمع الاحتمالات.

ب) العلاقة بين أنصاف الأشقاء (HS)



وفي حالة الإخوة غير الأشقاء أو أنصاف الأخوات تكون هذه الأخوة مشتركة في أب واحد فقط. فالعلاقة بين الابن الأول وأبيه = ٥,٠، وكذلك بين الابن الثاني وأبيه =٥,٠ وبالمنطق نفسه المتبع في الأخوة الأشقاء يلاحظ أن احتمال الابن الأول يحمل نفس جينات أبيه = ٥,٠ وكذلك الابن الثاني يحمل نفس جينات أبيه = ٥,٠ فإذا كان الاحتمالان مستقلين عن بعضهما فإن احتمال أن الابن الأول والابن الثاني يحملان الجينات نفسها = ٥,٠ × ٥,٠ = ٢٥,٠ وهذا يتبع قانون ضرب الاحتمالات.

ويبين الجدول رقم (٨,١) بعض معاملات القرابة حسب نظام التزاوج في الحيوانات الزراعية في حالة أن تكون القرابة بين أفراد مرباة داخلياً. والمعاملات الموجودة في هذا الجدول وسيتضح لاحقا كيفية حساب هذه المعاملات الموجودة في الجدول رقم (٨,١).

الجدول رقم (٨,١). معاملات القرابة المختلفة في الحيوانات الزراعية في حالة التزاوج العشوائي.

معامل القرابة	القرابة بالعشيرة
0.50	أخ أو أخت أشقاء Full-sibs
0.25	أخ أو أخت غير أشقاء Half-sibs
0.50	أب وابنته أو أم وابنها Parent-progeny
0.125	ابن العم أو الخال وابنة العمة أو الخالة الشقيقة Full-sib cousins
0.0625	ابن العم أو الخال وابنة العمة أو الخالة غير الشقيقة Half-sib cousins

(٨,٣) طرق تقدير معامل القرابة في العشائر الحيوانية

في حالة التعامل مع المواقع الجسمية (أي المواقع الأتوسومية Autosomal locus) يوضح التخطيط اللاحق حالات طرق تقدير معامل القرابة في العشائر الحيوانية:

<table dir="rtl">
<tr><td colspan="7">تقدير معامل القرابة في العشائر الحيوانية</td></tr>
<tr><td colspan="3">استخدام مسارات التشابه بين الأفراد</td><td colspan="4">استخدام التغاير الوراثي التجمعي والسيادي بين الأقارب</td></tr>
<tr><td rowspan="3">في حالة عدم وجود أفراد مرباة داخليا</td><td colspan="2">في حالة وجود أفراد مرباة داخليا</td><td colspan="2">في حالة عدم وجود أفراد مرباة داخليا</td><td colspan="2">في حالة وجود أفراد مرباة داخليا</td></tr>
<tr><td>⬇</td><td>⬇</td><td>⬇</td><td>⬇</td><td>⬇</td><td>⬇</td></tr>
<tr><td>حالة أن يكون الأب المشترك غير مربي داخليا</td><td>حالة أن يكون الأب المشترك مربي داخليا</td><td>القرابة التجمعية</td><td>القرابة السيادية</td><td>القرابة التجمعية</td><td>القرابة السيادية</td></tr>
</table>

(٨, ٤) تقدير معامل القرابة باستخدام مسارات التشابه بين الأفراد

تناول معامل القرابة هذا سيوال رايت (Wright, 1934) إذ أشار لذلك في كتابه والذي يعبر بطريقة كمية عن الاحتمالات من أن فردين Y ، X يحملان نفس الجينات لوجود صلة قرابة (نسب) بينهما.

(٨, ٤, ١) استخدام مسارات التشابه بين الأفراد لحساب معامل القرابة في حالة عدم وجود أفراد مرباة داخليا :

لحساب معامل القرابة Relationship coefficient يجرى الآتي :

١- يوضع سجل النسب في صورة بحيث يتجه سهم Arrow من كل أب إلى الابن ويمكن حذف الأسهم التي نتأكد أنها لا تساهم في العلاقة.

٢- تعيين الآباء أو الأجداد مصدر العلاقة والتي تسمى الآباء المشتركة Common ancestor or common parents. ويمكن التعرف عليها بأنها الأفراد في سجل النسب التي يمكن الوصول إليها من X إلى Y (أي الفردين المراد معرفة درجة قرابتهما)، وعند الآباء المشتركة هذه ترتد اتجاهات الأسهم.

٣- نحسب عدد الأسهم n الموصلة من X إلى Y عن طريق كل الآباء المشتركة كل

على حده ويراعى عدم المرور على سهم Arrow أو ممر Path أكثر من مرة أو أن ينعكس اتجاه السهم بعد المرور على الأب المشترك كما أنه من الممكن أن نجد أكثر من طريق للوصول من X إلى Y عن طريق الأب المشترك وفى هذه الحالة تحسب n لكل طريق مستقل.

٤- نحسب احتمال التشابه عن طريق كل أب مشترك بالتعويض في $\sum(½)^n$ حيث n = عدد الأسهم.

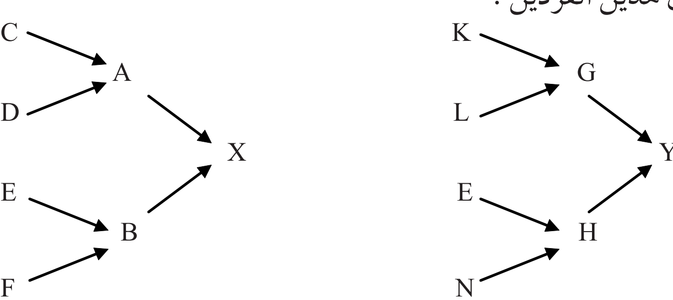
٥- تجمع احتمالات التشابه عن طريق الآباء المشتركة كلها كما يلي :

$$\sum(½)^n$$

٦- يحسب معامل القرابة بين Y، X من المعادلة :

$$R_{XY} = \sum(½)^n \quad \text{............................} \quad (٨,١)$$

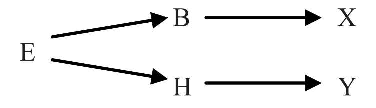
مثال محلول رقم (١): فيما يلي سجلات النسب Pedigrees للفرد X والفرد Y فما هي صلة القرابة بين هذين الفردين :



الحل

من التخطيط السابق يلاحظ أن الأب المشترك هو E. أي بمعنى آخر أن الفردين B ، H إخوة أنصاف أشقاء عن طريق الأب المشترك E.

١- يعدل التخطيط في صورة رسم واحد و يؤخذ في الاعتبار أن الأب يعطي ابنه في السهم ولكي نعرف أن الفرد مربى تربية داخلية أم لا ننظر إلى أبويه ومعرفة صلة النسب. ففي هذه الحالة يلاحظ أن الأبوين لا يوجد بينهما أي صلة نسب.



٢- **يحدد** المسار وبالتالي احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك E :

$X \leftarrow B \leftarrow E \rightarrow H \rightarrow Y \qquad (½)^4 = 1/16$

يلاحظ من المسار السابق أن كل من الفردين X ،Y في طرفي المسار، ومن ثم فإن معامل القرابة بينهما يكون:

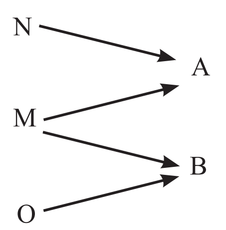
$$R_{XY} = \sum (½)^n = (½)^4 = 1/16$$

مثال محلول رقم (٢) : احسب معامل القرابة بين الفردينA، B من سجل النسب التالي:



الحل

يعاد تخطيط سجل النسب ليصبح كالتالي :



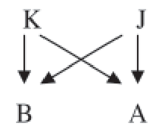
احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك M هو :

$A \leftarrow M \rightarrow B \qquad (½)^2 = ¼$

ومن ثم فإن معامل القرابة R_{AB} يكون:

$$R_{AB} = \sum (½)^2 = ¼$$

مثال محلول رقم (٣) : من سجل النسب التالي احسب معامل القرابة بين A ، B :



الحل

يوجد في سجل النسب السابق أبوين مشتركين هماK ، J . احتمال التشابه عن طريق الأب J يكون:

B ⟵ J ⟶ A $(½)^2 = ¼$

واحتمال التشابه عن طريق الأب K يكون:

B ⟵ K ⟶ A $(½)^2 = ¼$

ومن ثم فإن مجموع احتمالات احتمال التشابه بين الفرد A ، والفرد B تكون:

$$R_{AB} = ¼ + ¼ = ½$$

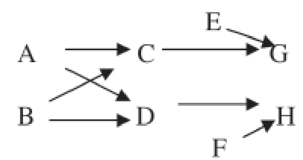
يلاحظ في المثال السابق أن كل من A ، B في هذه الحالة إخوة أشقاء Full-sib؛ لأنهما من نفس الأبوين J ، K. كما يلاحظ أن القرابة بينهما نصفها من الأب ونصفها من الأم وهذا ما تحصلنا عليه سابقا بقانوني ضرب وجمع الاحتمالات.

مثال محلول رقم (٤): من سجل النسب للفردين G ، H احسب R_{CD}، R_{GH}، R_{ED} :



الحل

يعاد تخطيط سجل النسب ليصبح كالتالي :



١ - حساب $\mathbf{R_{CD}}$ (الآباء المشتركة هي A ،B) :

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك A :

C ⟵ A ⟶ D $(½)^2 = ¼$

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك B :

$$C \leftarrow B \rightarrow D \qquad (½)^2=¼$$

ومن ثم فإن R_{CD} تمثل مجموع احتمالات التشابه بين الفرد A والفرد B :

$$R_{CD}= ¼ + ¼ = ½$$

٢- حساب R_{GH} (الآباء المشتركة هنا هي A ، B) :

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك A :

$$G \leftarrow C \leftarrow A \rightarrow D \rightarrow H \quad (½)^4= 1/16$$

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك B :

$$G \leftarrow C \leftarrow B \rightarrow D \rightarrow H \quad (½)^4= 1/16$$

ومن ثم فإن R_{GH} تمثل مجموع احتمالات التشابه بين الفرد G والفرد H (عن طريق الآباء المشتركة A ، B) :

$$R_{GH}=1/16 +1/16 = 2/16 = 1/8$$

٣- حساب R_{ED} : لا توجد أباء مشتركة بين الفردين ومن ثم القرابة بينهم = صفر.

(٢, ٤, ٨) استخدام مسارات التشابه بين الأفراد لحساب معامل القرابة في حالة وجود تربية داخلية

هنا يحسب معامل القرابة بين أفراد تربطها صلة قرابة ومن ثم يجب حساب معامل التربية الداخلية (أو تربية الأقارب) لكل فرد من الأفراد المراد قياس درجة القرابة بينهما. إذا كان هناك فرد مربى تربية داخلية أي أنه يوجد ارتباط بين الجاميطتين اللتين اتحدتا لتكونا هذا الفرد فسيكون هناك ارتباط بين الجاميطتين الناتجتين من هذا الفرد. ففي حالة وجود موقع جينى Locus معين في فرد مربى داخليا سيكون هناك ارتباط بين أليلين داخل هذا الموقع الجيني باحتمال أكبر بأن هذين الأليلين يكونان متماثلين وبذلك يمكن تعريف معامل التربية الداخلية بأنه نسبة النقص في المواقع الأليلية الخليطة Heterozygous

أو الزيادة في المواقع الأليلية المتماثلة Homozygous، أي نقص الخليط وزيادة المتماثل نتيجة لتزاوج أفراد بينهما قرابة. فإذا كانت التربية الداخلية تزيد من احتمال تماثل الأليلين في الفرد المربى داخليا فإن هذا الفرد سيعطي لابنائه الجينات نفسها باحتمال أكبر من فرد غير مربى داخليا وبذلك تكون درجة القرابة بينهما أكبر ولذلك يجب أن يدخل في الاعتبار معامل التربية الداخلية للآباء المشتركة عند حساب معامل القرابة بين الأفراد ومن هذا يمكن استنتاج أنه كلما زاد معامل التربية الداخلية للأب زاد معامل القرابة بينه وبين ابنائه من جهة، وبين ابنائه وبعضهما من جهة أخرى. أي أنه كلما كان الفرد مربى داخليا بدرجة أكبر زاد التشابه بينه وبين ابنائه وهذا ما يقصد به الاصطلاح Prepotency أي قدرة الأب على إنتاج نسل مشابه له ولبعضهما البعض في نفس الوقت وهو ما يسمى أحيانا بطبع القطيع بطابع معين. وعلى ذلك يكون التصور النهائي لمعامل القرابة في حالة وجود أفراد مرباة تربية داخلية بالصورة التالية :

$$R_{XY} = \frac{\sum(½)^n\ (1+F_{CP})}{\sqrt{(1+F_X)(1+F_Y)}} \quad \text{.........(٨,٢)}$$

حيث Fcp = معامل التربية الداخلية للأب المشترك Common Parent.

F_X = معامل التربية الداخلية للفرد X.

F_Y = معامل التربية الداخلية للفرد Y.

(٨, ٤, ٢, ١) حالة أن يكون الأب المشترك للآباء نفسها غير مربى داخليا

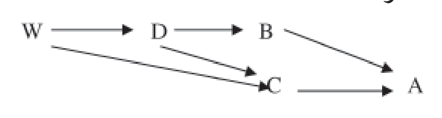
يمكن حساب معامل التربية الداخلية لأي فرد في العشيرة بحيث إن يكون هذا الفرد مربى داخليا عن طريق أب مشترك Common Parent. وفي حالة أن يكون الأب المشترك غير مربى داخليا فإن معامل التربية الداخلية للفرد X يساوي نصف بسط معامل القرابة بين أبويه :

$$F_X = ½\sum(½)^n\ (1+F_{CP}) \quad \text{.........(٨,٣)}$$

حيث إن **n** هي عبارة عن عدد الأسهم الداخلة في تكوين المسار Path الكامل المحتوي علي الفرد X بشرط ألا يكون الأب المشترك للآباء نفسها مربى داخليا. وبما أن الأب المشترك غير مربى داخليا فإنه يمكن اختصار المعادلة السابقة لتصبح :

$$\mathbf{F_{(X)} = \frac{1}{2} \sum (\frac{1}{2})^n} \quad \text{........................}(٨,٤)$$

مثال محلول رقم (١): احسب معامل القرابة بين الفرد B والفرد C وكذلك معامل التربية الداخلية للفرد A :



الحل

من سجل النسب السابق نجد أن أبوي الفرد A هما B، C ولحساب معامل القرابة بين B، C نحدد المسارات بين الأبوين B ، C كما يلي :

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك D :

$$\frac{1}{4} = C \longleftarrow D \longrightarrow B \qquad (\frac{1}{2})^2$$

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك W :

$$C \longleftarrow W \longrightarrow D \longrightarrow B \qquad (\frac{1}{2})^3 = 1/8$$

وبما أن الآباء المشتركة D، W غير مرباة داخلياً فإن معامل التربية الداخلية للفرد C يصبح :

$$F_C = \frac{1}{2} R_{WD} = \frac{1}{2} (\frac{1}{2}) = \frac{1}{4}$$

ومن ثم فإن $\mathbf{R_{BC}}$ **تمثل** مجموع احتمالات التشابه بين الفردين:

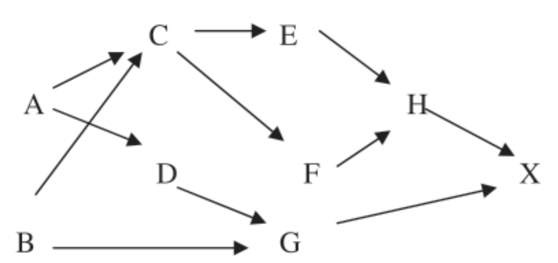
$$R_{BC} = \frac{\sum (\frac{1}{2})^n \ (1+F_{CP})}{\sqrt{(1+F_B)(1+F_C)}}$$

$$= \frac{\frac{1}{4}+\frac{1}{8}}{\sqrt{(1+0)(1+0.25)}} = \frac{\frac{3}{8}}{1.12} = 0.33$$

وبما أن أحد الأبوين للفرد A وهو C مربى داخليا فإن معامل التربية الداخلية للفرد A يساوي نصف بسط معامل القرابة بين أبويه:

$$F_A = \frac{1}{2}(3/8) = 3/16$$

مثال محلول رقم (٢) : من سجل النسب التالي احسب معامل التربية الداخلية للفرد X:



الحل

يلاحظ أنه يوجد أكثر من أب مشترك واحد وكذلك هناك أكثر من حلقة يمكن رسمها وتتبعها حول الفرد X مع الأب المشترك A. ويجب أن يلاحظ أن كل من هذه الحلقات تعد في حد ذاتها أحداث مستبعدة لبعضها، وبالتالي بعد حساب معامل التربية الداخلية من كل مسار لكل حلقة على حده تجمع هذه المسارات معا ليكون حاصل جمع هذه المسارات هو معامل التربية الداخلية للفرد X. وعند حساب معامل التربية الداخلية في حالة الجينات الجسمية Autosomal genes يتم حساب معامل التربية الداخلية للفرد X بإتباع الخطوات التالية :

١ – تحديد الآباء المشتركة في سجل النسب للفرد X (وهما A ،B) وهي الأفراد في النسب التي يمكن أن تعطي أليلات متطابقة Identical alleles.

٢– يكتب مسار كل حلقة مبتدأ بأحد الأبوين للفرد X ثم إلى الأب المشترك ومنه مع الأسهم إلى الأب الآخر للفرد X .

٣– يحسب حاصل جمع مساهمات المسارات المختلفة فيكون ذلك هو معامل التربية الداخلية للفرد X.

٤– يجب تجنب استخدام نفس المسار مرتين، وبمعنى آخر عدم المرور على الفرد نفسه مرتين في المسار الواحد.

وبالرجوع إلى المثال السابق يلاحظ أن الآباء المشتركة لأبوي الفرد X هما A ، B. وبالتالي يكون لدينا المسارات التالية :

مساهمة كل مسار في قيمة معامل التربية الداخلية للفرد X	المسارات Paths
$(½)^5 = 1/32$	H ⟵ E ⟵ C ⟵ A ⟶ D ⟶ G
$(½)^5 = 1/32$	H ⟵ F ⟵ C ⟵ A ⟶ D ⟶ G
$(½)^4 = 1/16$	H ⟵ E ⟵ C ⟵ B ⟶ G
$(½)^4 = 1/16$	H ⟵ F ⟵ C ⟵ B ⟶ G
$½ \sum(½)^n = (½)(6/32) = 3/32$	معامل التربية الداخلية (F) للفرد X

ويلاحظ في الجدول السابق أن معامل التربية الداخلية للفرد X يساوي $3/32$ أي ٠,٠٩٤ وبمعنى آخر ٩,٤٪. ومعنى ذلك أن ٩,٤٪ من الأليلات الموجودة في التركيب الوراثي للفرد X متطابقة Identical.

مثال محلول رقم (٣) : من سجل النسب التالي احسب معامل القرابة R_{AB} ، R_{CD} ، R_{CG} ، R_{GE} ومعامل التربية الداخلية F_C ، F_D ، F_E :



الحل

١ - حساب R_{AB}

$F_G=0 \quad F_B=0 \quad F_A=0$

احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك **G** :

A ⟵ G ⟶ B $\quad (½)^2=¼$

$R_{AB} = \sum(½)^2 = ¼$

٢- حساب R_{CG}

العلاقة مباشرة بين C ،G حيث أن الأب المشترك G هو الفرد نفسه وأن $F_G = 0$

ومن ثم فإن احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك G يكون :

$$G \longrightarrow A \longrightarrow C \qquad (½)^2 = ¼$$

$$G \longrightarrow B \longrightarrow C \qquad (½)^2 = ¼$$

∴ مجموع احتمالات التشابه عن طريق الأب المشترك G = ½

ولحساب معامل القرابة بين الفرد G والفرد C نجد أن الفرد C مربى داخليا بينما الفرد G غير مربى داخليا ومن ثم تحسب قيمة F_C كما يلي :

أبوي الفرد C هما A ، B وأن احتمال التشابه بين الفرد B والفرد A عن طريق الأب المشترك G يكون :

$$B \longleftarrow G \longrightarrow A \qquad (½)^2 = ¼$$

$$F_C = ½ \sum(½)^2(1+Fcp) \quad = ½(¼)(1+0) = 1/8$$

ومن ثم فإن R_{CG} تكون :

$$R_{CG} = \frac{\sum(\frac{1}{2})^n \ (1+F_G)}{\sqrt{(1+F_G)(1+F_C)}}$$

$$= \frac{\frac{1}{2}}{\sqrt{(1+0)(1+\frac{1}{8})}} = 0.47$$

٣- حساب R_{CD}

الآباء المشتركة للأفراد C ، D هي A، B، G ومن ثم فإن احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك A يكون :

$$D \longleftarrow A \longrightarrow C \qquad (½)^2 = 1/4$$

واحتمال التشابه عن طريق الأب المشترك B هو :

$$D \longleftarrow B \longrightarrow C \qquad (½)^2 = 1/4$$

واحتمال التشابه عن طريق الأب المشترك G هو:

$D \leftarrow B \leftarrow G \rightarrow A \rightarrow C \qquad (½)^4 = 1/16$

$C \leftarrow B \leftarrow G \rightarrow A \rightarrow D \qquad (½)^4 = 1/16$

ومعنى ذلك أن الجين للفرد G يمكن أن يذهب إلى C عن طريق A، وإلى D عن طريق B وهذا هو المسار الأول، أو أن الجين يذهب إلى C عن طريق B، وإلى D عن طريق A وهذا هو المسار الثاني. بالتالي فإن مجموع احتمالات التشابه عن طريق الأب المشترك G :

1/8= +1/16 1/16

وعليه فإن مجموع احتمالات التشابه عن طريق الآباء المشتركة كلها يكون:

5/8 = +1/8¼+¼

وبما أن F_C = ⅛ وكذلك F_D = ⅛ ، فإن معامل القرابة بين الفردC والفرد D يكون:

$$R_{CD} = \frac{\sum (\frac{1}{2})^2 (1 + F_{cp})}{\sqrt{(1+F_C)(1+F_D)}} = \frac{5/8}{\sqrt{(1+0.125)(1+0.125)}} = 0.55$$

٤ - حساب R_{GE}

العلاقة هنا مباشرة حيث أن **G** هو الأب المشترك الذي يربط العلاقة بين الفردين ومن ثم تحسب احتمالات التشابه التالية :

$G \rightarrow A \rightarrow C \rightarrow E \qquad (½)^3 = 1/8$

$G \rightarrow A \rightarrow D \rightarrow E \qquad (½)^3 = 1/8$

$G \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow E \qquad (½)^3 = 1/8$

$G \rightarrow B \rightarrow D \rightarrow E \qquad (½)^3 = 1/8$

وعليه فإن مجموع احتمالات التشابه عن طريق الأب المشترك **G** يكون :

½ = (⅛) 4

وبما أن حساب معامل التربية الداخلية للـفرد E يساوي نصف بسط معامل القرابة بين أبويه وهما C، D إذاً :

$$F_E = ½ (5/8) = (5/16) = 0.3125$$

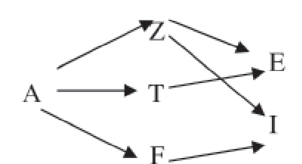
ومن ثم فإن قيمة R_{GE} تكون:

$$R_{GE} = \frac{\sum (\frac{1}{2})^2 (1 + F_{cp})}{\sqrt{(1 + F_G (1 + F_E)}}$$

$$R_{GE} = \frac{0.5}{\sqrt{(1 + 0)(1 + 0.3125)}} = 0.346$$

حيث إن F_C، F_D، F_E قد سبق حسابهم.

تمرين للحل : من سجل النسب التالي احسب معامل القرابة R_{EI}:



(٢ ,٢ ,٤ ,٨) حالة أن يكون الأب المشترك للآباء نفسها مربى داخليا

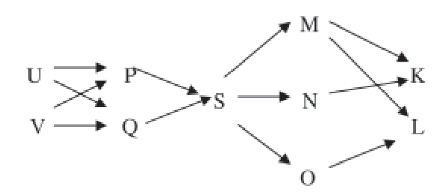
في حالة أن يكون الأب المشترك مربى داخليا فإنه يمكن تبسيط حساب معامل التربية الداخلية للفرد X على أنه نصف بسط معامل القرابة بين أبويه بشرط أن يكون الأب المشترك للآباء نفسها مربى داخليا. أي أن:

$$F_X = ½ [\sum (½)^n (1+Fcp)]$$

حيث : n = عدد الأسهم في كل مسار بداية من أحد الأبوين مارا بالأب المشترك ومنتهياً بالأب الآخر.

Fcp= معامل التربية الداخلية للأب المشترك.

مثال محلول : من سجل النسب التالي احسب معامل التربية الداخلية للفرد S ومعامل القرابة بين الفرد L والفرد K :



الحل

١ - حساب معامل التربية الداخلية للفرد S

لحساب F_S يحدد أباء الفرد S وهما P، Q ثم نسأل هل هناك قرابة بين أبوي الفرد S؟ والإجابة هنا نعم توجد قرابة بين أبوي الفرد S عن طريق الآباء المشتركة U، V. ثم نسأل أنفسنا هل الآباء المشتركة U، V مرباة تربية داخلية أم لا ؟ والإجابة هنا أن الآباء V ، U هي أفراد غير مرباة داخليا، ومن ثم فإن :

$$F_U = 0 \qquad F_V = 0$$

وبالتالي نستخدم معادلة Sewell Wright لحساب معامل التربية الداخلية للفرد S وهى:

F_S= نصف بسط معامل القرابة بين أبوي S

$$F_S = \frac{1}{2}\sum(\frac{1}{2})^n = \frac{1}{2}R_{PQ}$$

يلزم ذلك حساب احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك U :

$$Q \longleftarrow U \longrightarrow P \qquad (\frac{1}{2})^n = (\frac{1}{2})^2 = \frac{1}{4}$$

وكذلك حساب احتمال التشابه عن طريق الأب المشترك **V**:

$$Q \longleftarrow V \longrightarrow P \qquad (\frac{1}{2})^2 = \frac{1}{4}$$

وعليه فإن مجموع احتمالات التشابه عن طريق الآباء المشتركة V، U يكون:

$$\sum(\frac{1}{2})^n = \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2}$$

وهذا المجموع يمثل معامل القرابة بين الفرد P والفرد Q ، أي أن $R_{PQ} = \frac{1}{2}$

ومن ثم فإن معامل التربية الداخلية للفرد S يصبح:

$$F_S = ½\sum(½)^n = ½R_{PQ} = ½(½) = ¼$$

٢- حساب معامل القرابة بين الفرد K والفرد L

الفرد K والفرد L أفراد مرباة داخليا ومن ثم فإن معامل التربية الداخلية لأي من الفردين يمكن حسابه على أنه نصف بسط معامل القرابة بين أبوي الفرد مع الأخذ في الاعتبار بأن الأب المشترك S مربى تربية داخليا.

نحدد المسارات بين أبوي الفرد L حيث يوجد مسار واحد وهو :

$$O \longleftarrow S \longrightarrow M \qquad (½)^n(1+F_{cp}) = (½)^2(1+¼) = 0.3125$$

ومن ثم فإن F_L = نصف بسط معامل القرابة بين أبويه

$$F_L = ½\,(0.1325) = 0.156$$

كذلك يوجد مسار واحد بين أبوي الفرد K وهو:

$$N \longleftarrow S \longrightarrow M \qquad (½)^2(1+¼) = 0.3125$$

وبالتالي فإن F_K = نصف بسط معامل القرابة بين أبويه

$$F_K = ½\,(0.1325) = 0.156$$

وبما أن معادلة حساب معامل القرابة بين الفرد L والفرد K هي :

$$R_{LK} = \frac{\sum(½)^n\,(1+F_{CP})}{\sqrt{(1+F_L)(1+F_K)}}$$

ولحساب بسط هذه المعادلة نحدد المسارات (احتمالات التشابه) عن طريق الآباء المشتركة وهي :

احتمالات التشابه عن طريق الأب المشترك S هي:

$$L \longleftarrow O \longleftarrow S \longrightarrow M \longrightarrow K \qquad (½)^n(1+F_S) = (½)^4(1+¼) = 0.078$$

$$L \longleftarrow O \longleftarrow S \longrightarrow N \longrightarrow K \qquad (½)^4(1+¼) = 0.078$$

$$L \longleftarrow M \longleftarrow S \longrightarrow N \longrightarrow K \qquad (½)^4(1+¼) = 0.078$$

واحتمالات التشابه عن طريق الأب المشترك M هي :

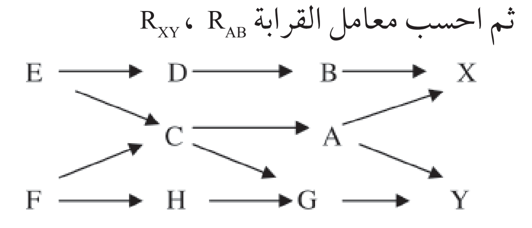
$$L \longleftarrow M \longrightarrow K \qquad (½)^n(1+F_M) = (½)^2(1+0) = 0.25$$

مجموع احتمالات مسارات التشابه عن طريق الآباء المشتركة كلها = ٠٧٨, ٠+ ٠٧٨, ٠+ ٠٧٨, ٠+ ٠٧٨, ٠+ ٢٥, ٠= ٥٦٢, ٠ ومن ثم فإن معامل القرابة بين الفرد L والفرد K يصبح :

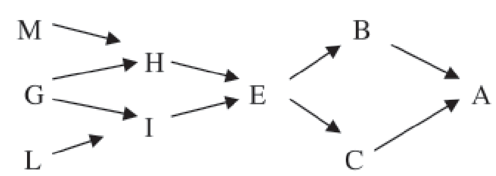
$$R_{LK} = \frac{0.562}{\sqrt{(1+0.156)(1+0.156)}} = 0.48$$

تمرين للحل رقم (١) : من سجل النسب التالي احسب F_D، F_A، F_G ، F_Y

ثم احسب معامل القرابة R_{AB} ، R_{XY}



تمرين للحل رقم (٢) : من سجل النسب التالي احسب معامل التربية الداخلية للفرد A :



(٥ ,٨) تقدير معامل القرابة باستخدام التغاير الوراثي التجمعي والسيادي بين الأقارب

من الملاحظ أن طريقةWright السابق شرحها وهى الخاصة بإيجاد معامل المرور Path Coefficient قد تصبح طويلة ومدعاة للخطأ نتيجة ترك أو نسيان أحد المسارات عند حساب احتمالات التشابه لذا فإن طريقة معامل القرابة لمالكوت (أي التغاير الوراثي بين الأقارب) والتي تعطى نفس النتائج تكون أكثر سهولة وترتيبا. ومعامل القرابة لمالكوت هو قياس آخر لدرجة التشابه الوراثي Genetic likeness بين الأفراد والذي وضع أساسه Malecot (Malecot, 1948).

(٨,٥,١) تقدير معاملات التغاير الوراثي بين الأقارب

في حالة وجود صلة نسب بين فردين وطبقا لأسلوب مالكوت فإن معاملات التأثيرات التجمعية للجينات Additive genetic effects تكون كالآتي :

$$\propto = (P_p+P_m)/2$$ ....(٨ , ٥)

حيث : ∝= معامل الأثر التجمعي للجينات.

P_p = احتمال تشابه أو ارتباط أحد الأفراد (أحد الأقارب) بفرد آخر (القريب الآخر) عن طريق الأليل الأبوي Paternal allele.

P_m = احتمال تشابه أو ارتباط أحد الأفراد (أحد الأقارب) بفرد آخر (القريب الآخر) عن طريق الأليل الأمي Maternal allele.

في حين أن تأثيرات السيادة Dominance effects طبقا لماليكوت أيضا تكون معاملاتها كالآتي :

$$\beta = (P_p)(P_m)$$ ....(٨ , ٦)

حيث β = معامل الأثر السيادي للجينات.

ولذلك يمكن إيجاد معاملات النسب Coefficients for relatives للتأثيرات التجمعية والسيادية في حالات القرابة التالية :

١ - أنصاف الأشقاء (أب أو أم مشتركة)

: Half-sibs (Common father or mother)

- أنصاف الأشقاء الأبوية :

$\beta = (0.5)(0) = 0$ $\propto = (0.5+0)/2=1/4$

- أنصاف الأشقاء الأمية :

$\beta = (0)(0.5) = 0$ $\propto = (0+0.5)/2=1/4$

٢ - الاخوة الأشقاء (Full-sibs (Dizygotic twins :

$\beta = (0.5)(0.5) = 1/4$ $\propto = (0.5+0.5)/2= 1/2$

٣ - الأب والنسل Parent-offspring :

الأب والنسل $\propto = (1+0)/2=½$ $\beta = (1)(0) = 0$

الأم والنسل $\propto = (0+1)/2=½$ $\beta = (0)(1) = 0$

٤ - التوائم وحيدة الزيجوت Monozygotic twins :

$\propto = (1+1)/2=1$ $\beta = (1)(1) = 1$

طبقاً لما سبق فإن الجدول رقم (٢, ٨) يوضح معاملات الأثر التجمعي للجينات والأثر السيادي (معاملات النسب Coefficients for relatives) في حالات القرابة المختلفة.

الجدول رقم (٢, ٨). معاملات الأثر التجمعي للجينات والأثر السيادي في حالات القرابة المختلفة.

معامل الأثر السيادي للجين β	معامل الأثر التجمعي للجين ∝	القرابة
¼	½	الإخوة الأشقاء Full-sibs (Dizygotic twins)
0	¼	أنصاف الأشقاء (أبوية أو أمية) Half-sibs
0	½	الأب والنسل Parent-offspring
0	¼	الجد والحفيد Grandparent-grandchild
1/16	¼	أولاد العم أو الخال من الدرجة الثانية Double First Cousins
0	1/8	أولاد العم أو الخال من الدرجة الأولى First Cousins
0	¼	العمة أو الخالة وابنه الأخ أو ابنه الأخت Aunt-niece
0	¼	العم أو الخال وابن الأخ أو ابن الأخت Aunt-niece

وباختصار فإن معامل القرابة لماليكوت بين فردين X، Y مثلا هو معامل التربية الداخلية للفرد الناتج من تزاوجهما أي نصف البسط في معادلة Wright لحساب معامل القرابة. ومعامل القرابة لماليكوت أو بمعنى آخر معامل الأبوة Coefficient de parente وأحيانا يسمى معامل الترابط السلفيCo-ancestry هو متوسط نسبة الجينات المرتبطة

بصلة نسب Average fraction of genes identical by descent. وهذا المعامل هو أسلوب أخر لحساب القرابة في العشائر صغيرة العدد؛ لأن هذه الطريقة ملائمة لحساب معامل التربية الداخلية مبنية على أساس إيجاد معامل الأبوة وهو مختلف عن معامل التربية الداخلية المقترح من قبل Wright وهو يعبر عن الارتباط بين القيم الوراثية للأفراد. ولمعرفة العلاقة بين معامل القرابة لماليكوت وطريقة Wright ومع استرجاع معادلته :

$$R_{XY} = \frac{\sum(½)^{n}\ (1+F_{CP})}{\sqrt{(1+F_X)(1+F_Y)}}$$

يلاحظ أن هذه المعادلة تتطابق تقريباً مع المعادلة الخاصة بحساب معامل الارتباط البسيط Correlation Coefficient بين متغيرين والتي يمكن كتابتها كما يلي :

$$(٨,٧)......\ R_{XY} = \frac{Cov_{XY}}{\sqrt{(COV_{XX})(COV_{YY})}} = \frac{Cov_{XY}}{\sqrt{(Var_X)(Var_Y)}}$$

حيث : COV_{XY}= التغاير بين جينات الفرد X والفرد Y.

COV_{XX} = التغاير في وراثة الفرد X مع نفسه وهى تعادل $1+F_X$ في معادلة Wright.

COV_{YY}= التغاير في وراثة الفرد Y مع نفسه وهى تعادل $1+F_Y$ في معادلة Wright.

فإذا أمكن حساب التغاير الوراثي التجمعي والسيادي بين كل فرد والأفراد الأخرى في القطيع وكذلك التغاير الوراثي في وراثة كل فرد مع نفسه لأمكن حساب درجة القرابة بين كل فردين في القطيع وهذا ما يسمى بطريقة معامل القرابة لماليكوت (α_{XY})، أي أن :

$$(٨,٨)......................... \alpha_{XY} = ½\ COV_{XY}$$

ومن ثم فإن معامل القرابة لماليكوت بين الفرد X والفرد Y يساوي نصف التغاير الوراثي بين الفردين. وأن التغاير الوراثي بين فردين يساوي ضعف معامل القرابة لماليكوت، أي ضعف معامل الأبوة بمعنى آخر.

وعليه فإن معامل القرابة لماليكوت = نصف القرابة التجمعية بين الفردين

$$(٨,٩)........................... \alpha_{XY} = ½\ a_{XY}$$

وأن القرابة التجمعية بين فردين = ضعف معامل القرابة لماليكوت أو ضعف معامل الأبوة.

$a_{XY} = 2\alpha_{XY}$ ....(٨, ١٠)

وجدير بالذكر هنا عند حساب التغاير الوراثي بأن يأخذ دائما تغاير الفرد الأكبر سناً مع أبوي الفرد الأصغر سنا في سجل النسب.

ونظرية التشابه الوراثي Genetic likeness بين الأفراد عن طريق صلة نسب تناولها حديثا Van Vleck في كتابه الأخير (Van Vleck, 1993)وهي تعبر عن القرابة التجمعية Additive relationship والقرابة السيادية Dominance relationship بين الأفراد في العشيرة والتي سنتناول شرحها بشيء من التفصيل لاحقا.

(٨, ٥, ٢) القرابة التجمعية Additive Relationship أو التغاير الوراثي التجمعي بين الأفراد

هذه القرابة تعبر عن احتمال أن الجينات في موقع ما مرتبطة ببعضها بصلة نسب Probability of genes identical by descent ، أي ما يسمى **2α** حيث إن :

$$P\ (\text{Genes identical}) = \alpha_{ii} \text{ or } \alpha_{jj} \ \ \ldots\ \text{etc.}$$

ومن المعروف أنه في العشيرة غير المرباة داخلياً أن القرابة التجمعية لفرد غير مربى داخلياNon-inbred (أي a_{ii} أو a_{jj}) مع نفسه تساوي الواحد الصحيح. وأن القرابة التجمعية بين فردين(**a_{ij}**) تساوي ضعف نسبة الجينات المرتبطة بصلة النسب بين الفردين، ومن ثم فإن:

$a_{ij} = 2\alpha_{ij}$ ....(٨, ١١)

وعموماً في العشائر التي لا يتبع فيها التربية الداخلية فإن القرابة التجمعية تساوي معامل القرابة Coefficient of relationship. ومعامل القرابة هذا هو مقياس للارتباط بين التأثيرات التجمعية Additive effects الموجودة في الفردين المراد إيجاد القرابة بينهما. ومن ثم فإن معامل القرابة r_{ij} بين الفرد i والفرد j تكون:

$$r_{ij} = \frac{a_{ij}}{\sqrt{(a_{ii})(a_{jj})}} \quad \text{..................(٨, ١٢)}$$

حيث: a_{ij} = القرابة التجمعية بين الفرد **i** والفرد **j**.

a_{ii} = القرابة التجمعية للفرد **i** مع نفسه والتي تساوي واحد صحيح في حالة أن يكون الفرد **i** غير مربى داخليا Non-inbred.

a_{jj} = القرابة التجمعية للفرد **j** مع نفسه والتي تساوي واحد صحيح في حالة أن يكون الفرد **j** غير مربى داخليا Non-inbred.

ومن ثم فإن القرابة التجمعية تسمى أحياناً ببسط معامل القرابة Numerator relationship. ويوضح الجدول رقم (٨,٣) ملخص للقرابة التجمعية لمعظم حالات القرابة وفي حالة أن تكون الأفراد غير مرباة داخليا Non-inbred.

الجدول رقم (٨,٣). القرابة التجمعية لمعظم حالات القرابة وفي حالة أن تكون الأفراد غير مرباة داخليا Non-inbred.

القرابة Relationship	معامل الأبوة أو متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب (α)	القرابة التجمعية أو احتمال أن الجينات مرتبطة بصلة نسب $a_{ij} = 2\alpha$	القرابة السيادية أو احتمال أن التراكيب الوراثية مرتبطة بصلة نسب (d_{ij})
الأب والنسل (Parent-progeny)	¼	2 x ¼= ½	0
الجد والحفيد (Grandparent-grand progeny)	1/8	2 x 1/8 = ¼	0
إخوة أشقاء (Full-sibs)	¼	2 x ¼ = ½	¼
إخوة أنصاف أشقاء (Half –sibs)	1/8	2 x 1/8 = ¼	0

ولتوضيح الأرقام الموجودة بالجدول رقم (٨,٣) تحسب الاحتمالات الخاصة بحالات القرابة بين الأب والنسل – وبين الإخوة الأشقاء – وبين أنصاف الأشقاء كما يلي :

١ – حالة القرابة بين الأب والنسل Parent-progeny relationship

إذا فرضنا أن الآباء b_1b_2 ، b_3b_4 هي آباء غير مرباة داخليا وغير مرتبطة Unrelated and non-inbred parents وهذه الآباء لها المقدرة على إنتاج النسل التالي :

b_1b_3 ، b_1b_4 ، b_2b_3 ، b_2b_4

ومن الجدول رقم (٨, ٩) يلاحظ أن نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب لأي أب مع النسل b_1b_3= ¼ ومع النسل b_1b_4=¼ ومع النسل b_2b_3=¼ ومع النسل b_2b_4=¼ وبالتالي فإن متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب تكون :

$$[¼ + ¼ + ¼ + ¼] = ¼$$

وأن قيمة القرابة التجمعية والتي تمثل ضعف متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب تكون :

$$2 \times ¼ = ½$$

٢– حالة القرابة بين الإخوة الأشقاء Full-sib relationship

إذا فرض وجود حيوانيين b_1b_2، b_3b_4 غير مربين داخليا وغير مرتبطين وأن النسل الناتج من هذين الحيوانين هو b_1b_3، b_1b_4، b_2b_3، b_2b_4. وعند مقارنة النسل الأشقاء Full-sib progeny عشوائياً يلاحظ أن هناك ١٦ توليفة من أزواج الإخوة الأشقاء وكل منها تمتلك التكرار نفسه. ويتضح ذلك من الآتي:

التراكيب الوراثية الممكنة وتكراراتها		الأخ الشقيق الثاني 2nd full-sib			
		¼ b_1b_3	¼ b_1b_4	¼ b_2b_3	¼ b_2b_4
الأخ الشقيق الأول 1st full-sib	¼ b_1b_3	½	¼	¼	0
	¼ b_1b_4	¼	½	0	¼
	¼ b_2b_3	¼	0	½	¼
	¼ b_2b_4	0	¼	¼	½

حيث b = موقع Locus ما.

وبالتالي فإن متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب تكون f_ix_i. وبما أن عدد الخلايا الموجودة بالجدول السابق= ١٦ خلية ولذلك فإن $f_i = 1/16$ وأن متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب Average fraction of genes identical by descent تكون :

$$\sum f_ix_i = (1/16)[4(½) + 8(¼) + 4(0)] = ¼$$

٣- حالة القرابة بين الإخوة أنصاف الأشقاء Half-sib relationship

إذا تزاوج الحيوان b_1b_2 بالحيوان b_3b_4 ونتج عن هذا التزاوج النسل : b_2b_3،b2b4، b_1b_3، b_1b_4، ذات التكرار المتساوي. وعند تزاوج نفس الحيوان b_1b_2 مع حيوان b_5b_6 ونتج عن هذا التزاوج النسل: b_1b_5 ، b_1b_6 ، b_2b_5 ، b_2b_6.ومن ثم فإن الجدول التالي يوضح نسب الجينات المرتبطة بصلة نسب لكل من ١٦ زوجا من أنصاف الأشقاء الممكن حصولها :

التراكيب الوراثية الممكنة وتكراراتها Possible genotypes and their frequencies		الأخ نصف شقيق الأول 1st half-sib			
		¼ b_1b_3	¼ b_1b_4	¼ b_2b_3	¼ b_2b_4
الأخ نصف شقيق الثاني 2nd half-sib	¼ b_1b_5	¼	¼	0	0
	¼ b_1b_6	¼	¼	0	0
	¼ b_2b_5	0	0	¼	¼
	¼ b_2b_6	0	0	¼	¼

وبالتالي فإن متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب تكون:

$$\sum f_ix_i = (1/16)[8(¼) + 8(0)] = 1/8$$

(٣ , ٥ , ٨) القرابة السيادية Dominance Relationship أو التغاير الوراثي السيادي

تعرف القرابة السيادية بأنها الاحتمال بأن تكون التراكيب الوراثية مرتبطة بصلة نسب بينهما Probability of genotypes identical by descent، وهي تعبر عن متوسط احتمال أن التراكيب الوراثية مرتبطة ببعضها بصلة نسب. فإذا كان لدينا موقع b جيني فإنه من المعروف أن احتمال قرابة الأسلاف Relatives مع التراكيب الوراثية b_ib_j، b_mb_n تكون :

$$P\ (\text{genotypes identical}) = P\ (b_ib_j = b_mb_n)$$

ولحساب متوسط احتمال التراكيب الوراثية لإخوة أشقاء مرتبطة بصلة نسب Genotypes in common for full-sibs نفرض أن الآباء Parents هي b_1b_2، b_3b_4 وأن النسل الأشقاء وتكراراتها Full-sib progeny with frequencies هي : ¼b_1b_3¼، b_1b_4¼، b_2b_3¼، b_2b_4 . ومن ثم يمكن توضيح نسب التراكيب الوراثية المرتبطة بصلة نسب لعدد ١٦ مقارنة (توليفة وراثية) فيما يلي :

التراكيب الوراثية الممكنة وتكراراتها		الأخ الشقيق الثاني 2nd full-sib			
		¼ b_1b_3	¼ b_1b_4	¼ b_2b_3	¼ b_2b_4
الأخ الشقيق الأول 1st full-sib	¼ b_1b_3	التكرار لكل مقارنة (توليفة) يكون : (¼) (¼) = 1/16			
	¼ b_1b_4				
	¼ b_2b_3				
	¼ b_2b_4				

وبالتالي فإن متوسط احتمالات التراكيب الوراثية المرتبطة بصلة نسب في الموقع b تكون :

Average P (genotypes identical at locus b) = $1/16[P(b_1b_3 = b_1b_3) + P(b_1b_3 = b_1b_4) + P(b_1b_3 = b_2b_3) + P(b_1b_3 = b_2b_4) + P(b_1b_4 = b_1b_3) + P(b_1b_4 = b_1b_4) + P(b_1b_4 = b_2b_3) + P(b_1b_4 = b_2b_4) + P(b_2b_3 = b_1b_3) + P(b_2b_3 = b_1b_4) + P(b_2b_3 = b_2b_3) + P(b_2b_3 = b_2b_4) + P(b_2b_4 = b_1b_3) + P(b_2b_4 = b_1b_4) + P(b_2b_4 = b_2b_3) + P(b_2b_4 = b_2b_4)]= 1/16[1+0+0+0+0+1+0+0+0+0+1+0+0+0+0+1]= ¼$

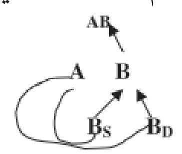
وبالتالي فإن واحداً من أربعة مقارنات (توليفات) يتوقع لها أن تمتلك تراكيب وراثية مرتبطة بصلة نسب في الموقع الجيني b. ويعرف التأثير السيادي Dominance effect بأنه التفاعل بين جينين في الموقع نفسه. وأن متوسط نسب التراكيب الوراثية المرتبطة بصلة نسب في كل المواقع تساوي ربع. وفى الجدول رقم (٨,٣) السابق ذكره نجد أن الإخوة الأشقاء Full-sibs هي القرابة الوحيدة التي يوجد بها القرابة السيادية وذلك في حالة أن تكون الأفراد المراد قياس القرابة بينها غير مرباة داخليا Non-inbred.

(٨,٥,٤) قواعد حساب القرابة التجمعية (التغاير التجمعي) والقرابة السيادية (التغاير السيادي) في حالة أن تكون الأفراد غير مرباة داخليا

لو فرض لدينا فردان A ، B لهما الأباء التالية :



يقصد بالرمز S الأب Sire بينما D بالأم Dam. وبالتالي فإن القرابة التجمعية تكون :



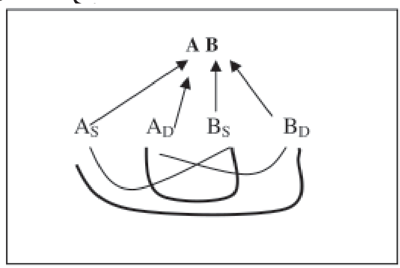
فإذا كان الفرد A هو الفرد الأكبر فإنه يأخذ تغاير الفرد الأكبر A مع أبوي الفرد الأصغر B، ومن ثم فإن القرابة التجمعية بين الفرد A والفرد B تصبح :

$$\therefore\ {}^{a}{}_{AB} = \frac{1}{2}\left({}^{a}AB_S + {}^{a}AB_D\right) \quad \text{.................(٨, ١٣)}$$

أما إذا كان الفرد B هو الفرد الأكبر فيأخذ الفرد B مع أبوي A، ومن ثم فإن القرابة التجمعية بين الفردين تصبح :

$$\therefore\ {}^{a}{}_{BA} = \frac{1}{2}\left({}^{a}BA_S + {}^{a}BA_D\right)$$

هذا ويمكن حساب القرابة السيادية من القرابة التجمعية بين الآباء حتى لو كانت الآباء مرباة داخلياً Inbred مع الأخذ في الاعتبار أن تكون الأفراد المراد قياس درجة القرابة بينهم هم أنفسهم غير مربين داخلياً Non -inbred. ويتضح هذا من المعادلة التالية :



$$d_{AB} = \frac{1}{4}\left[({}^{a}A_SB_S)({}^{a}A_DB_D) + ({}^{a}A_SB_D)({}^{a}A_DB_S)\right] \quad \text{..........(٨, ١٤)}$$

(٨,٥,٥) قواعد حساب القرابة التجمعية والسيادية في حالة أن تكون الأفراد مرباة داخليا

ذكر Van Vleck, 1993 أن معامل التربية الداخليةInbreeding coefficient لأي حيوان هو عبارة عن نصف القرابة التجمعية بين أبويه (أي نصف التغاير الوراثي التجمعي). وبالرجوع إلى سجلي النسب السابقين فإن :

(٨,١٥)........................ $F_A = ½ (^aA_SA_D)$

(٨,١٦)........................ $F_B = ½ (^a B_SB_D)$

وأن القرابة التجمعية للفرد مع نفسه والمربى داخليا تكون:

(٨,١٧)................. $^a{}_{AA} = 1 + F_A = 1 + ½ (^aA_SA_D)$

(٨,١٨)................. $^a{}_{BB} = 1 + F_B = 1 + ½ (^aB_SB_D)$

ومن سجل النسب السابق فإنه يمكن حساب معامل القرابة r_{AB} باستخدام معامل القرابة التجمعية (التغاير الوراثي) بين الفرد A والفرد B في حالة أن تكون الأفراد مرباة داخليا كما يلي :

(٨,١٩)................. $$r_{AB} = \frac{a_{AB}}{\sqrt{(a_{AA})(a_{BB})}}$$

إذ أن :

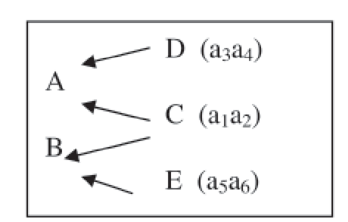
$$^a{}_{AB} = ½ (^aAB_S + {}^aAB_D)$$

(٨, ٥, ٦) أمثلة محلولة لتقدير القرابة التجمعية والسيادية في حالة أن تكون الأفراد غير مرباة داخليا Non-inbred

مثال محلول رقم (١) : من سجل النسب التالي للفرد A والفرد B :

A ← C (a_1a_2) / D (a_3a_4)

B ← C (a_1a_2) / E (a_5a_6)



أ) أوجد متوسط نسب الجينات المرتبطة بصلة نسب لكل من الحالات الآتية :

- الفرد A والفرد C (الأب والنسل).
- الفرد C والفرد B (الأب والنسل).
- الفرد A والفرد B (إخوة أنصاف أشقاء).

ب) أوجد القرابة التجمعية بين :

- الفرد A والفرد D (الأب والنسل).
- الفرد C والفرد B (الأب والنسل).
- الفرد A والفرد B (إخوة أنصاف أشقاء).

ج) أوجد نسبة التراكيب الوراثية المرتبطة بصلة نسب بين كل من :

- الفرد A والفرد D (الأب والنسل).
- الفرد C والفرد B (الأب والنسل).
- الفرد A والفرد B (إخوة أنصاف أشقاء).

الحل

أ) حساب متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب Genes identical by descent

نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب بين الأبC والفرد A =¼ . الأب C (أي a_1a_2) والأب D (أي a_3a_4) هي أباء غير مرباة داخليا Non-inbred وهذه الآباء لها المقدرة على إنتاج النسل التالي:

a_2a_4 ، a_2a_3 ، a_1a_4 ، a_1a_3

وبالتالي فإن نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب بين الأب C والفرد A = ¼، وكذلك بين الأب C والفرد B = ¼، وبين الأب D والفرد A = ¼، وبين الأب E والفرد B = ¼.

الأب C (أي a_1a_2) والأب E (أي a_5a_6) هي آباء غير مرباة داخليا وهذه الآباء لها المقدرة على إنتاج النسل التالي :

$$a_2a_6 ، a_2a_5 ، a_1a_6 ، a_1a_5$$

وبالتالي فإن نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب بين الأب C (أي a_1a_2) والفرد B=¼.
ونسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب بين الفرد A والفرد B (إخوة أنصاف أشقاء) = 1/8
∴ متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب للثلاثة حالات السابقة هي:

$$(¼ + ¼ + {}^1/_8)/ 3 = 5/24$$

ب) حساب القرابة التجمعية Additive relationship

القرابة التجمعية (a_{ij}) أو التغاير التجمعي بين الفرد A والأب D (أي أب ونسل) هي :

a_{DA} = ضعف نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب بين الفرد A والفرد D.

$$a_{DA} = 2 \times ¼ = ½$$

كذلك يمكن حساب a_{DA} بأن يأخذ التغاير التجمعي للأب الأكبر مع أبوي الفرد الأصغر كما يلي:

$$a_{DA} = ½ (a_{DD} + a_{DC}) = ½ (1+0) = ½$$

كذلك a_{CB} (أي الأب والنسل) = ½ ، $a_{AC} = ½$

والقرابة التجمعية بين الفرد A والفردB (اخوة أنصاف أشقاء) هي:

$$a_{AB} = 2\alpha_{AB} = 2 \times 1/8 = ¼$$

أو يمكن حسابها كما يلي:

$$a_{AB} = ½ (a_{AC} + a_{AE}) = ½ (½+0) = ¼$$

ج) حساب القرابة السيادية Dominance relationship

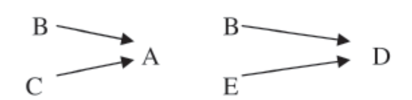
القرابة السيادية (d_{ij}) أو التغاير السيادي بين فردين تمثل نسبة التراكيب الوراثية المرتبطة بصلة نسب Fractions of genotypes identical by descent ، ومن ثم فإن d_{AD} (الأب والنسل) تكون:

$$d_{AD} = ¼ [(a_{C?})(a_{D?}) + (a_{C?})(a_{D?})] = ¼ (0) = 0$$

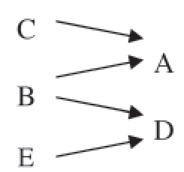
وكذلك فإن d_{CB}، d_{EB} = صفر (الأب والنسل) أما القرابة السيادية (d_{AB}) فهي:

$$d_{AB} = \frac{1}{4}\,[({}^{a}{}_{CC})({}^{a}{}_{DE}) + ({}^{a}{}_{CE})({}^{a}{}_{DC})] = \frac{1}{4}\,[(1)(0) + (0)(0)] = 0$$

مثال محلول رقم (٢): الشكل التالي يوضح علاقة فردين أنصاف أشقاء أبويه Paternal half-sibs احسب القرابة التجمعية $\mathbf{a_{ij}}$ والقرابة السيادية $\mathbf{d_{ij}}$ بين الفردين A ، D :



يمكن رسم الشكل مرة أخرى لتوضيح العلاقة كما يلي :



١ - حساب القرابة التجمعية

من سجل النسب السابق يتضح أن الأفراد B ، C ، E ، A ، D غير مربين داخليا Non-inbred ومن ثم فإن القرابة التجمعية لأي منهم تساوي الواحد الصحيح. ومن فإن :

$${}^{a}{}_{BB} = 1 \quad ، {}^{a}{}_{CC} = 1 \quad ، {}^{a}{}_{EE} = 1$$

هذا ويمكن حساب القرابة التجمعية أو التغاير التجمعي كما موضح بالجدول التالي:

الأفراد	B	C	E	B-C	B-E
				A	D
B	1				
C	0	1			
E	0	0	1		
B-C A	½	½	0	1	
B-E D	½	0	½	¼	1

$a_{BA} = ½ (a_{BB} + a_{BC}) = ½ (1+0) = ½$

$a_{BD} = ½ (a_{BB} + a_{BE}) = ½ (1+0) = ½$

$a_{CA} = ½ (a_{CB} + a_{CC}) = ½ (0+1) = ½$

$a_{CD} = ½ (a_{CB} + a_{CE}) = ½ (0+0) = 0$

$a_{EA} = ½ (a_{EB} + a_{EC}) = ½ (0+0) = 0$

$a_{ED} = ½ (a_{EB} + a_{EE}) = ½ (0+1) = ½$

$a_{AA} = 1 + F_A = 1 + ½ (a_{BC}) = 1 + ½ (0) = 1$

حيث إن F_A تمثل نصف القرابة التجمعية بين أبوي A وهما B ، C

$a_{AD} = ½ (a_{AB} + a_{AE}) = ½ (½+0) = ¼$

$a_{DD} = 1 + F_D = 1 + ½ (a_{BE}) = 1 + ½ (0) = 1$

٢- حساب القرابة السيادية

يمكن حساب القرابة السيادية Dominance relationship (أو التغاير السيادي) لحيوانات غير مرباة داخليا Non-inbred من القرابة التجمعية بين الآباء كما هو موضح فيما يلي :

$$\mathbf{d_{AD}} = ¼ [(a_{BB})(a_{CE}) + (a_{CB})(a_{BE})] = ¼ [(1)(0) + (0)(0)] = 0$$

كذلك يمكن حساب معامل التربية الداخلية (F) للفرد A والفردD حيث يمثل هذا المعامل نصف القرابة التجمعية لأبوي الفرد كما يلي:

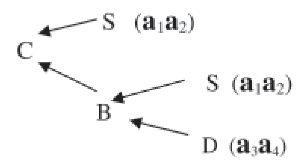
$$F_A = ½ (a_{BC}) = ½ (0) = 0 \qquad F_D = ½ (a_{BE}) = ½ (0) = 0$$

ولإيجاد معامل القرابة $\mathbf{r_{ij}}$ بين الفردين A ، D باستخدام التغاير الوراثي التجمعي (القرابة التجمعية) يمكن حسابه كالتالي:

$$\because r_{AD} = \frac{a_{AD}}{\sqrt{(a_{AA})(a_{DD})}}$$

$$\therefore r_{AD} = \frac{\frac{1}{4}}{\sqrt{(1)(1)}} = \frac{1}{4}$$

مثال محلول رقم (٣) : تزاوجت الطلوقة S رجعياً Mated-back مع بنتها B :



والمطلوب:

١- إيجاد الاحتمال بأن الأب S والفرد C مرتبطان بصله نسب تجمعيه، أي إيجاد α_{SC}.

٢- إيجاد القرابة التجمعية بين الأب S والفرد C، أي إيجاد a_{SC}.

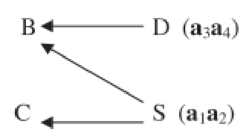
٣- إيجاد احتمال أن الأب S والفرد C مرتبطان بصله نسب سيادية، أي إيجاد d_{SC}.

٤- حاول إيجاد معامل التربية الداخلية للفرد C وإذا لم تستطع فانتقل إلى الخطوة التالية.

٥- كون جدول القرابة للحيوانات S، D، B، C ثم أكد حساب نتائجك التي حصلت عليها في الخطوات ٢، ٥.

الحل

يتم تعديل سجل النسب ليصبح كالتالي :



١- إيجاد α_{SC} (أي أن الأب S والفرد C مرتبطان بصله نسب تجمعيه) :

$$\alpha_{SC} = 1/4$$

٢- إيجاد القرابة التجمعيه بين الأب S والفرد C (أى حساب $\mathbf{a}_{SC}$) :

$$\mathbf{a}_{SC} = 2(1/4) = 1/2$$

٣- إيجاد القرابة السيادية بين الأب S والفردC (أي أن الفردان مرتبطان بصلة نسب سيادية) :

$$\mathbf{d}_{SC} = \tfrac{1}{4}(0) = 0$$

٤- معامل التربية الداخلية للفرد C = نصف القرابة التجمعية بين أبويه :

$$F_C = \tfrac{1}{2}(0) = 0$$

٥- تكوين جدول القرابة التجمعية للحيوانات C، B، S، D :

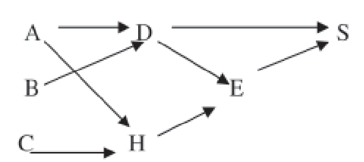
الأفراد	D	S	D-S B	C
D	**1**	**0**	**½**	**0**
S		**1**	**½**	**½**
D-S B			**1**	**¼**
C				**1**

حيث إن حساب معاملات القرابة الموجودة في الجدول السابق تتمثل في :

$$\mathbf{a}_{DD} = 1 + F_D = 1 + 0 = 1$$
$$a_{SS} = 1 + F_S = 1 + 0 = 1$$
$$a_{BB} = 1 + F_B = 1 + 0 = 1$$
$$a_{CC} = 1 + F_C = 1 + 0 = 1$$
$$a_{DS} = \tfrac{1}{2} (a_{D?} + a_{D?}) = \tfrac{1}{2} (0 + 0) = 0$$
$$a_{DB} = \tfrac{1}{2} (a_{DD} + a_{DS}) = \tfrac{1}{2} (1 + 0) = \tfrac{1}{2}$$
$$a_{DC} = \tfrac{1}{2} (a_{D?} + a_{DS}) = \tfrac{1}{2} (0 + 0) = 0$$
$$a_{SB} = \tfrac{1}{2} (a_{SD} + a_{SS}) = \tfrac{1}{2} (0 + 1) = \tfrac{1}{2}$$
$$a_{SC} = \tfrac{1}{2} (a_{SS} + a_{S?}) = \tfrac{1}{2} (1 + 0) = \tfrac{1}{2}$$
$$a_{BC} = \tfrac{1}{2} (a_{BS} + a_{B?}) = \tfrac{1}{2} (\tfrac{1}{2} + 0) = \tfrac{1}{4}$$

(٨, ٥, ٧) أمثلة محلولة لتقدير القرابة التجمعية والسيادية في حالة أن تكون الأفراد مرباة داخليا Inbred

مثال محلول رقم (١) : كون مربع التغاير التجمعي والسيادي (القرابة التجمعية والسيادية) للأفراد الموجودين بسجل النسب التالي ثم احسب معامل التربية الداخلية للأفراد وكذلك معامل الأبوة لماليكوت بين الفرد A والفرد S :



الحل

حساب القرابة التجمعية (التغاير التجمعي) للأفراد الموجودة في سجل النسب :

١- حساب القرابة التجمعية للفرد A مع نفسه ومع جميع الأفراد في السجل حيث يأخذ الفرد الأكبر سنا مع أبوي الفرد الأصغر سنا في سجل النسب :

$a_{AA} = 1+ F_A = 1+ ½(a_{??}) = 1 + 0 = 1$

$a_{AB} = ½ \ (a_{A?} + a_{A?}) = ½ (0+0) = 0$

$a_{AC} = ½(a_{A?} + a_{A?}) = ½ (0+0) = 0$

$a_{AD} = ½(a_{AA} + a_{AB}) = ½(1+ 0) = ½$

$a_{AH} =½(a_{AA} + a_{AC}) = ½ (1 + 0) = ½$

$a_{AE} = ½(a_{AD} + a_{AH}) = ½(½+ ½) = ½$

$a_{AS} = ½(a_{AD} + a_{AE}) = ½(½+½)= ½$

٢- حساب القرابة التجمعية للفرد B مع نفسه ومع باقي جميع الأفراد الأصغر سنا في سجل النسب :

$a_{BB} = 1+ F_B = 1+ ½(a_{A?}) = 1 + 0 = 1$

$a_{BC} = ½ (a_{B?} + a_{B?}) = ½ (0+ 0) = 0$

$a_{BD} = ½ (a_{BA} + a_{BB}) = ½ (0+1)= ½$

$a_{BH} = ½ (a_{BA} +a_{BC}) = ½ (0+ 0) = 0$

$a_{BE} = ½ (a_{BD} + a_{BH}) = ½ (½ +0) = ¼$

$a_{BS} = ½ (a_{BD} + a_{BE}) =½ (½ + ¼) = 3/8$

٣- حساب القرابة التجمعية للفرد C مع نفسه ومع باقي جميع الأفراد الأصغر سنا في سجل النسب:

$a_{CC} = 1+ F_C = 1+ ½(0)= 1 \quad + 0 =1$

$a_{CD} = ½ (a_{CA} + a_{CB}) = ½ (0 + 0) = 0$

$a_{CH} = ½ (a_{CA} + a_{CC}) = ½ (0 + 1) = ½$

$a_{CE} = ½ (a_{CD} + a_{CH}) = ½ (0 + ½) = ¼$

$a_{CS} = ½ (a_{CD} + a_{CE}) =½ (0 + ¼) = 1/8$

٤- حساب القرابة التجمعية للفرد D مع نفسه ومع باقي الأفراد الأصغر سنا في سجل النسب :

$a_{DD} = 1+ F_D = 1+ ½(a_{AB})= 1 + ½ (0) = 1$

$a_{DH} = ½ (a_{DA} + a_{DC}) = ½ (½ + 0) = ¼$

$a_{DE} = ½ (a_{DD} + a_{DH}) = ½ (1 + ¼) = 5/8$

$a_{DS} = ½ (a_{DD} + a_{DE}) = ½ (1 + 5/8) = 13/16$

٥- حساب القرابة التجمعية بين الفرد H مع نفسه ومع باقي الأفراد الأصغر سنا في سجل النسب :

$a_{HH} = 1+ F_H = 1+ ½(0) = 1$

$a_{HE} = ½ (a_{HD} + a_{HH}) = ½ (¼ + 1) = 5/8 = 0.625$

$a_{HS} = ½ (a_{HD} + a_{HE}) = ½ (¼ + 5/8) = 7/16 = 0.4375$

٦- حساب القرابة التجمعية بين الفرد E مع نفسه ومع باقي الأفراد الأصغر سنا في سجل النسب :

$a_{EE} = 1+ F_E = 1+ ½(a_{DH})= 1 + ½ (¼) = 9/8 = 1.125$

$a_{ES} = ½ (a_{ED} + a_{EE}) = ½ (0.625 + 1.125) =7/8 = 0.875$

٧- حساب القرابة التجمعية بين الفرد S مع نفسه :

$a_{SS} = 1+ F_S = 1+ ½(a_{DE})= 1 + ½ (0.625) =21/16 =1.3125$

وبالتالي يكون جدول القرابة التجمعية (التغاير التجمعي) كما يلي :

الأفراد	A	B	C	A-B	A-C	D-H	D-E
				D	H	E	S
A	1	0	0	½	½	½	½
B		1	0	½	0	¼	3/8
C			1	0	½	¼	1/8
A-B D				1	¼	5/8	13/16
A-C H					1	5/8	7/16
D-H E						9/8	7/8
D-E S							21/16

وبأخذ نصف كل خانه في الجدول السابق (أي قسمة كل خانه على ٢) نحصل على معامل الأبوة لماليكوت حيث إن: معامل الأبوة لماليكوت = نصف القرابة التجمعية وبالتالي فإن القرابة التجمعية = ٢ (معامل الأبوة لماليكوت)

ومن ثم فإن معامل الأبوة لماليكوت بين الفرد A والفرد S يكون:

$$\frac{1}{2}(a_{AS}) = \frac{1}{2}(\frac{1}{2}) = \frac{1}{4}$$

وعليه يمكن تكوين جدول معامل الأبوة لماليكوت كما يلي :

الأفراد	B	C	A-B	A-C	D-H	D-E
			D	H	E	S
A	0	0	¼	¼	¼	¼
B		0	¼	0	1/8	3/16
C			0	¼	1/8	1/16
A-B D				1/8	5/16	13/32
A-C H					5/16	7/32
D-H E						7/16

ويمكن حساب معامل القرابة بين الأفراد باستخدام معاملات القرابة التجمعية الموجودة في جدول القرابة التجمعية باستخدام معاملات القرابة التجمعية كما هو موضح بعد:

$$r_{AB} = \frac{a_{AB}}{\sqrt{(a_{AA})(a_{BB})}} = \frac{0}{\sqrt{(1)(1)}} = 0$$

$$r_{AD} = \frac{a_{AD}}{\sqrt{(a_{AA})(a_{DD})}} = \frac{1/2}{\sqrt{(1)(1)}} = 0.5$$

$$r_{DS} = \frac{a_{DS}}{\sqrt{(a_{DD})(a_{SS})}} = \frac{13/16}{\sqrt{(1)(21/16)}} = 0.71$$

$$r_{CS} = \frac{a_{CS}}{\sqrt{(a_{CC})(a_{SS})}} = \frac{1/8}{\sqrt{(1)(21/16)}} = 0.109$$

وهكذا لباقي خلايا الجدول ومن ثم فإن جدول معامل القرابة بين الأفراد الموجودة في سجل النسب يمكن توضيحه فيما يلي :

الأفراد	A	B	C	A-B	A-C	D-H
				D	H	E
B	0					
C	0	0				
A-B D	½	½	0			
A-C H	½	0	½	¼		
D-H E	0.47	0.235	0.235	0.59	0.59	
D-E S	0.436	0.327	0.109	0.71	0.381	0.72

حساب القرابة السيادية (التغاير السيادي)

ويمكن حساب القرابة السيادية للأفراد الموجودة في سجل النسب كما يلي :

$d_{AB} = 0$, $d_{AC} = 0$, $d_{BC} = 0$

$d_{AD} = ¼ [(a_{?A})(a_{?B}) + (a_{?B})(a_{?A})] = ¼ [(0)(0) + (0)(0)] = 0$

وهكذا لكل من :

$d_{AH} = 0$, $d_{AE} = 0$, $d_{AS} = 0$, $d_{BD} = 0$, $d_{BH} = 0$, $d_{BE} = 0$,

$d_{BS} = 0$, $d_{CD} = 0$, $d_{CH} = 0$, $d_{CE} = 0$, $d_{CS} = 0$

$d_{DH} = ¼ [(a_{AA})(a_{BC}) + (a_{AC})(a_{BA})] = ¼ [(1)(0) + (0)(0)] = 0$

يلاحظ هنا أن الفردين D ، H أنصاف أشقاء ومن ثم فإن القرابة السيادية = صفر.

$$d_{DE} = \tfrac{1}{4}[(a_{AD})(a_{BH}) + (a_{AH})(a_{BD})] = \tfrac{1}{4}[(\tfrac{1}{2})(0) + (\tfrac{1}{2})(\tfrac{1}{2})] = 1/16$$

$$d_{DS} = \tfrac{1}{4}[(a_{AD})(a_{BE}) + (a_{AE})(a_{BD})] = \tfrac{1}{4}[(\tfrac{1}{2})(\tfrac{1}{4}) + (\tfrac{1}{2})(\tfrac{1}{2})] = 3/32$$

$$d_{HE} = \tfrac{1}{4}[(a_{AD})(a_{CH}) + (a_{AH})(a_{CD})] = \tfrac{1}{4}[(\tfrac{1}{2})(\tfrac{1}{2}) + (\tfrac{1}{2})(0)] = 1/16$$

$$d_{HS} = \tfrac{1}{4}[(a_{AD})(a_{CE}) + (a_{AE})(a_{CD})] = \tfrac{1}{4}[(\tfrac{1}{2})(\tfrac{1}{4}) + (\tfrac{1}{2})(0)] = 1/32$$

$$d_{ES} = \tfrac{1}{4}[(a_{DD})(a_{HE}) + (a_{DE})(a_{HD})] = \tfrac{1}{4}[(1)(5/8) + (5/8)(\tfrac{1}{4})] = 25/128$$

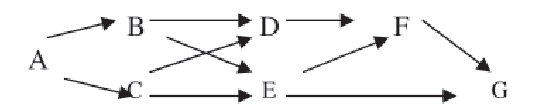
ومن ثم فإن القرابة السيادية بين الأفراد في سجل النسب يمكن تلخيصها في الجدول التالي :

الأفراد	A	B	C	A-B	A-C	D-H
				D	H	E
B	0					
C	0	0				
A-B D	0	0	0			
A-C H	0	0	0	0		
D-H E	0	0	0	1/16	1/16	
D-E S	0	0	0	3/32	1/32	25/128

هذا ومن المعروف أن القرابة السيادية هي القرابة بين تركيب وراثي معين وتركيب وراثي آخر (Genotypes identical by descent) ومن ثم فلا توجد قرابة سيادية للفرد مع نفسه كما هو موجود في القرابة التجمعية.

ملحوظة : عند توافر أب مشترك بين الفردين المراد حسابه القرابة السيادية بينهم فلا بد أن تكون هناك قرابة وبالتالي نجد القيمة لا تساوي صفرا.

مثال محلول رقم (٢) : كون مربع القرابة التجمعية للأفراد الموجودين بسجل النسب التالي ثم احسب معامل التربية الداخلية للأفراد المربين داخليا بالسجل:



خطوات تكوين جدول التغاير الوراثي التجمعي كما يلي :

١- يرسم جدول القرابة التجمعية بحيث يوضح فيه كل الأفراد مع تمثيل الأفراد رأسياً وأفقياً مع مرعاه أن نبدأ بالفرد الأكبر سناً في سجل النسب ثم تؤخذ بعد ذلك الأفراد الأصغر سناً.

٢- تملأ الخانات القطرية Diagonal cells كما يلي:

$$a_{AA} = 1+ F_A = 1+ ½(a_{??}) = 1+0 = 1$$

حيث إن a_{AA} هو التغاير الوراثي للفرد A مع نفسه ووضع علامة الاستفهام تعني أن الأبوين مجهولان.

٣- تملأ الخانات غير القطرية Off-diagonal cells مع الأخذ في الاعتبار تغاير الفرد الأكبر سنا مع أبوي الفرد الأصغر سناً في سجل النسب كما يلي :

$a_{AB} = ½ (a_{AA} + a_{A?}) = ½ (1+0) = ½$

$a_{AC} = ½(a_{AA} + a_{A?}) = ½ (1+0) = ½$

$a_{AD} = ½(a_{AB} + a_{AC}) = ½(½+ ½) = ½$

$a_{AE} =½(a_{AB} + a_{AC}) = ½ (½+½) = ½$

$a_{AF} = ½(a_{AD} + a_{AE}) = ½(½+ ½) = ½$

$a_{AG} = ½(a_{AE} + a_{AF}) = ½(½+ ½) = ½$

ومن ثم يستكمل الجدول كما يلي :

$a_{BB} = 1+ F_B = 1+ ½(a_{A?}) = 1 + 0 = 1$

$a_{BC} = ½ (a_{BA} + a_{B?}) = ½ (½+ 0) = 0.25$

$a_{BD} = ½ (a_{BB} + a_{BC}) = ½ (1+0.25) = 0.625$

$a_{BE} = ½ (a_{BB} + a_{BC}) = ½ (1+ 0.25) = 0.625$

$a_{BF} = ½ (a_{BD} + a_{BE}) = ½ (0.625+0.625) =0.625$

$a_{BG} = ½ (a_{BE} + a_{BF}) =½ (0.625+0.625) = 0.625$

الأفراد	A	A-? B	A-? C	B-C D	B-C E	D-E F	E-F G
A	1						
A-? B	½	1					
A-? C	½	¼	1				
B-C D	½	0.625	0.625	$1+F_D =$ 1.125			
B-C E	½	0.625	0.625	0.625	$1+F_E =$ 1.125		
D-E F	½	0.625	0.625	0.875	0.875	$1+F_F =$ 1.3125	
E-F G	½	0.625	0.625	0.75	1	1.0937	$1+F_G =$ 1.4375

$a_{CC} = 1+ F_C = 1+ ½(a_{A?}) = 1 + 0 = 1$

$a_{CD} = ½ (a_{CB} + a_{CC}) = ½ (0.25+1) = 0.625$

$a_{CE} = ½ (a_{CB} + a_{CC}) = ½ (0.25 + 1) = 0.625$

$a_{CF} = ½ (a_{CD} + a_{CE}) = ½ (0.625 + 0.625) = 0.625$

$a_{CG} = ½ (a_{CE} + a_{CF}) = ½ (0.625+0.625) = 0.625$

$a_{DD} = 1+ F_D = 1+ ½(a_{BC}) = 1 + ½ (¼) = 1.125$

$a_{DE} = ½ (a_{DB} + a_{DC}) = ½ (0.625 + 0.625) = 0.625$

$a_{DF} = ½ (a_{DD} + a_{DE}) = ½ (1.125 + 0.625) = 0.875$

$a_{DG} = ½ (a_{DE} + a_{DF}) = ½ (0.625+0.875) = 0.75$

$a_{EE} = 1+ F_E = 1+ ½(a_{BC}) = 1 + ½ (¼) = 1.125$

$a_{EF} = ½ (a_{ED} + a_{EE}) = ½ (0.625+1.125) = 0.875$

$a_{EG} = ½ (a_{EE} + a_{EF}) = ½ (1.125+0.875) = 1$

$a_{FF} = 1+ F_F = 1+ ½(a_{DE}) = 1 + ½ (0.625) = 1.3125$

$a_{FG} = ½ (a_{FE} + a_{FF}) = ½ (0.875+1.3125) = 1.09375$

$a_{GG} = 1+ F_G = 1+ ½(a_{EF}) = 1 + ½ (0.875) = 1.4375$

وعليه يمكن استخراج معامل القرابة r_{ij} لأي فردين من حيوانات القطيع بعد أن توضع معلومات التغاير التجمعي كافة في الجدول السابق مع استخدام معاملات التغاير التجمعي. أي أن :

$$r_{ij} = \frac{a_{ij}}{\sqrt{(a_{ii})(a_{jj})}}$$

ولاستخراج معامل القرابة بين E ، F باستخدام معاملات التغاير التجمعي نجد أن :

$$r_{EF} = \frac{a_{EF}}{\sqrt{(a_{EE})(a_{FF})}} = \frac{0.875}{\sqrt{(1.125)(1.3125)}} = 0.72$$

أي أن العلاقة بين الفرد E والفرد F هي ٠,٧٢ وهى القيمة التي يمكن الحصول عليها بطريقة مسارات التشابه بين الفردين (طريقة Wright). هذا ويلاحظ على جدول معاملات التغاير التجمعي السابق بأن بعض التغايرات التجمعية أي بعض الخانات تزيد عن الواحد الصحيح مثل تغاير الفرد F مع G ولكن بعد حساب معامل القرابة بينهما لا يمكن أن يزيد عن الواحد الصحيح أبدا، لأنه معامل ارتباط ونحن نعلم أن معامل الارتباط لا يمكن أن يزيد عن الواحد الصحيح. أي أن قيمة r_{FG} تكون :

$$r_{FG} = \frac{a_{FG}}{\sqrt{(a_{FF})(a_{GG})}} = \frac{1.0937}{\sqrt{(1.3125)(1.4375)}} = 0.796$$

هذا ويمكن حساب التغاير السيادي (القرابة السيادية) من جدول التغاير التجمعي (القرابة التجمعية) بين الفرد E والفرد F باستخدام المعادلة التالية :

$$d_{EF} = \frac{1}{4}[(a_{BD})(a_{CE}) + (a_{BE})(a_{CD})] =$$

$$\frac{1}{4}[\ (0.625)(0.625) + (0.625)(0.625)\ ] = \frac{1}{4}[0.781] = 0.195$$

كذلك يلاحظ على جدول معاملات التغاير التجمعي ما يلي :

١- الجدول متماثل حول قطره، أي نصفه العلوي يشبه نصفه السفلي.

٢- يمكن حساب قيم معامل التربية الداخلية للأفراد المرباة داخلياً في سجل النسب. وهذه القيمة لمعامل التربية الداخلية للفرد هي القيمة الموجودة في الخلية القطرية والمضافة إلى الواحد الصحيح. أي أن على سبيل المثال :

$$F_D = a_{DD} - 1$$

وبالتالي فإن قيمة F_D هي مقدار الخلية DD مطروح منها واحد صحيح.

٣- يمكن تحديث الجدول كل موسم ولادات جديد في القطيع وذلك بإضافة عمود وصف لكل فرد جديد يولد في القطيع.

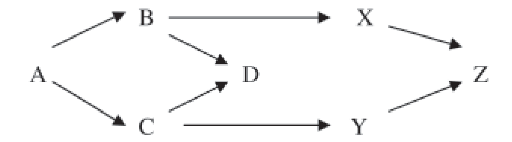
تمارين للحل : كون وأملأ جدول معامل القرابة التجمعية والسيادية لسجلات النسب التالية :

-١

A G
C F
B D E

ثم احسب: $r_{GC}, r_{FC}, r_{ED}, F_G$

-٢



ثم احسب: $r_{DZ}, r_{AZ}, r_{XY}, F_{X,} F_Y$

-٣



ثم احسب: r_{CH}, r_{DH}, F_H

الفصل التاسع

أسس وتقسيم طرق التربية المنتسبة والمظهرية في الحيوانات الزراعية

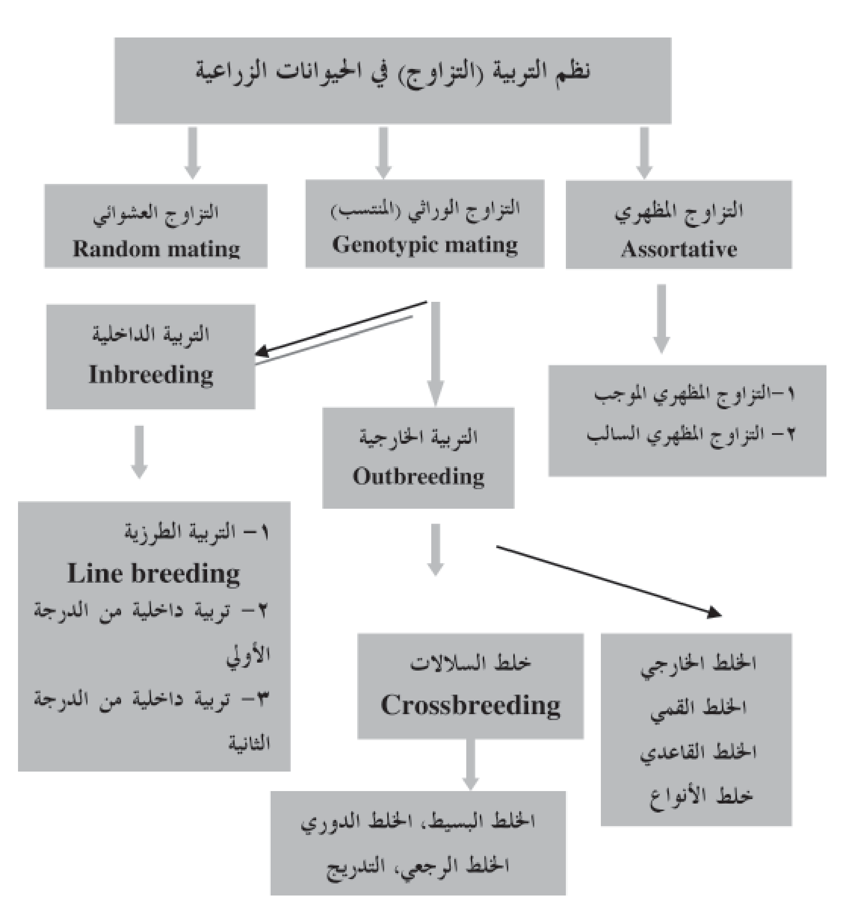
الشكل التخطيطي رقم (٩,١) يوضح تقسيم طرق التربية Systems of breeding التي تستخدم في الحيوانات الزراعية المختلفة. ولأهمية هذا الموضوع سوف يجري شرح هذه النظم مع توضيح مميزات وعيوب وحالات استعمال كل نظام. هذا ومن المعروف أن إتباع إحدى طرق التربية دون غيرها يتوقف على عده عوامل أهمها :

١- نوع الحيوان فمثلا بعض الطرق سهلة الاتباع في الدواجن والأرانب بينما يصعب تطبيقها في الحيوانات الكبيرة مثل الأبقار والجاموس والإبل.

٢- عدد الحيوانات الميسرة للتربية.

٣- نوع الصفة المراد تحسينها وراثيا فالصفات الإنتاجية مثلا تختلف عن الصفات التناسلية في برامج تحسينها.

٤- متوسط الصفة في القطيع بالنسبة لمتوسطها في قطعان أخرى.



الشكل رقم (١ , ٩). نظم التزاوج في الحيوانات الزراعية.

(١ , ٩) التربية العشوائية أو التزاوج العشوائي
Random Mating

التربية العشوائية هي التزاوج بين أفراد العشيرة بحيث يكون لكل ذكر في هذه العشيرة الفرصة نفسها كأي ذكر آخر في أن يلقح أي أنثى في هذه العشيرة. والطريقة المثلى لاتباع هذا النوع من التربية هي أن تختار أزواج من الذكور والإناث عشوائياً من داخل القطيع لكي تتزاوج بعضها مع بعض. وهذا يستلزم تساوي أعداد الذكور بأعداد الإناث في القطيع الذي تمارس فيه ولكن تطبيق ذلك يكون مستحيلاً؛ نظرا لقلة الذكور المستخدمة

كطلائق بالمقارنة مع عدد الإناث في الحيوانات المختلفة إلا في حاله الحمام. وللتوصل لتنفيذ التربية العشوائية داخل قطعان الحيوانات الزراعية يسمح للطلائق في القطيع بتلقيح أعداد متساوية من الإناث على أن يتم تحديد الإناث التي يلقحها كل ذكر بطريقة عشوائية.

(٢ , ٩) التربية أو التزاوج على أساس التشابه المظهري
Assortative Mating

(١ , ٢ , ٩) مفهوم التزاوج طبقا للأداء المظهري

التزاوج المظهري هو ذلك النوع من التربية الذي يحدث على أساس التشابه في مظهر أداء Phenotype الحيوانات المتزاوجة فإذا كان التزاوج يحدث بين أفراد تتماثل في مظهر أدائها سميت بالتربية المظهرية الموجبة أما إذا تزاوجت حيوانات متضادة في مظهر أدائها سميت بالتربية المظهرية السالبة.

والفرق بين التزاوج الوراثي Genotypic mating، والتزاوج المظهري Phenotypic mating أن الأول أساسه التشابه في التركيب الوراثي. فإذا تزاوج الأب مع ابنته فإن نصف جينات البنت تشابه نصف جينات الأب بينما التزاوج المظهري أساسه مظهر أداء الحيوان بغض النظر عن الجينات التي تسببت في إنتاج هذا الأداء.

مثال : لو فرض أنه جرى تزاوج كبش يزيد وزنه عن متوسط القطيع بمقدار ١٦ كجم بنعجة يزيد وزنها عن متوسط القطيع بنفس المقدار سمي هذا النوع من التزاوج بالتزاوج المظهري الموجب. ولو فرض أن هناك أربعة أزواج من الجينات تحكم هذه الصفة وأن وجود الأليل السائد يزيد هذه الصفة بمقدار ٣ كجم فإن التراكيب الوراثية المحتملة للكبش تكون :

التركيب AABbCcdd يكون مجموع أداء جيناته = ١٢ كجم ، وأيضا التركيب AaBbCcDd يكون مجموع أداء جيناته = ١٢ كجم، وأيضا التركيب AaBBCcdd يكون مجموع أداء جيناته = ١٢ كجم، والتركيب الوراثي للنعجة aaBBccDD يكون مجموع أداء جيناتها = ١٢ كجم. وهذا يوضح أن التشابه في مظهر أداء الصفات الإنتاجية التي يحكمها عدد من الجينات لا يعني التشابه في التركيب الوراثي.

(٩,٢,٢) أغراض واستخدامات التزاوج المظهري

١- التزاوج المظهري الموجب يزيد التباين الوراثي في العشيرة لذا قد يستخدمه المنتج عندما يريد تقسيم حيوانات قطيعه إلى مجموعات متخصصة في صفات مختلفة ثم بعد ذلك يمكنه أن يوالي عمليات الانتخاب في الاتجاه المطلوب.

٢- يستخدم التزاوج المظهري في العشائر التي وصلت إلى تجانس كبير ويصعب فيها الانتخاب الفعال عند ذلك. هذا ويمكن معالجة ذلك بزيادة التباين الوراثي عن طريق استخدام التزاوج المظهري الموجب.

٣- يؤدي التزاوج المظهري الموجب إلى ظهور بعض التجمعات الجينية الممتازة في بعض الأفراد يمكن استخدامها في تلقيح قمي مثلا.

٤- يستعمل التزاوج المظهري السالب في بعض القطعان الصغيرة لتعويض النقص في قطيع ما بتزاوجه من قطيع آخر به هذه الصفة الناقصة وبذلك يتم الحصول على النسل المناسب. وهذا ما يناظر التربية الخارجية وأثرها في زيادة التراكيب الوراثية الخليطة بالعشيرة.

وعموماً فإن أثر التزاوج الوراثي (التزاوج النسبي) والتزاوج المظهري يتقاربان كلما قلت عدد الجينات المؤثرة في الصفة وكلما قل تأثر الصفة بالبيئة. فأثر التزاوج المظهري الموجب يشبه أثر التربية الداخلية والتزاوج المظهري السالب يشبه أثر التربية الخارجية.

(٩,٣) التربية أو التزاوج على أساس التشابه الوراثي
Genotypic Mating

وفي هذا النوع من التربية يتم التزاوج بين أفراد القطيع على أساس درجه القرابة أو صلة النسب بينهما. فإذا حدث التزاوج بين أفراد معامل القرابة بينها أكبر من متوسط القرابة في القطيع سميت التربية المتبعة بالتربية الداخلية (تربية الأقارب). أما إذا حدث التزاوج بين أفراد لا يوجد بينها صلة نسب أو بين أفراد معامل القرابة بينها أقل من متوسط القرابة في القطيع سميت التربية المتبعة بالتربية الخارجية (أو تربية الأباعد).

(٤ ,٩) التربية الداخلية أو تربية الأقارب
Inbreeding

(١ ,٤ ,٩) مفهوم التربية الداخلية

التربية الداخلية هي التزاوج الذي يحدث بين أفراد يكون معامل القرابة بينها أعلى من متوسط القرابة في القطيع أو العشيرة الذي توجد فيه. أو بعبارة أخرى هي تلقيح الأفراد التي بينها درجة من القرابة أو التي تربطها صلة نسب ببعضها. وصلة النسب هذه يمكن أن تمتد لتصل إلى الجدود أو آباء الجدود أو تقترب لتشمل الإخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء. والآن قبل أن نناقش موضوع التربية الداخلية يجب أن نعطي بعض التعاريف التي استخدمها ماليكوت Malecot (Malecot, 1948) للتفرقة بين الأليلات المختلفة للموقع الجيني نفسه والذي يتضح من الجدول التالي :

تعريف الأليل	الحالة
١ – أليل للموقع الجينى الواحد نفسه	أليلى الحالة Allelic
٢ – أليل له التأثير الفسيولوجى نفسه	متطابق الحالة Identical
٣ـ أليل نسخه من أليل سابق.	مشتق الحالة Derivative

من التعاريف السابقة من الممكن أن يكون هناك فرد له التركيب الوراثي A_1A_1 لكن كل أليل من أليلات هذا الفرد من مصدر مختلف ولم يحصل على الأليلين (A_1 ، A_2) من نسخة من أليل معين في الأب المشترك لأبوي هذا الفرد، وفي هذه الحالة يطلق على هذا الفرد Allo homozygous إذ أن المقطع Allo يعني اختلاف المصدر. والمقطع Homozygous يعنى تشابه الحالة أو التأثير الفسيولوجي. ولكن لو أن الأليلين A_1، A_2 عبارة عن نسخة من أليل لأب مشترك لأبوي الفرد فيطلق على هذا الفرد Auto homozygous أي أن المقطع Auto يعني وحدة المصدر. ومن هنا تكون التربية الداخلية حقيقة راجعة إلى نسبة الأليلات المعروفة باللفظ Auto homozygous في الفرد. والتعريف السابق يختلف عن تعريف سيوال رايت Sewall Wright (Wright, 1921) لمعامل التربية الداخلية للفرد والذي عرفه سيوال رايت بأنه عبارة عن معامل التلازم بين الجاميطات الداخلة في التركيب الوراثي لهذا

الفرد. وسوف نناقش موضوع التربية الداخلية باستخدام تعريف ماليكوت (على أساس نظرية الاحتمالات)، وستكون المناقشة مقتصرة على معالجة الموضوع في حالة موقع واحد وأليلين، هذا مع الأخذ في الاعتبار أن كل الأسس بعد ذلك يمكن أن تمتد إلى حالة أكثر من موقع وأكثر من أليلين لكل موقع (كما هو الحال في الأليلات المتعددة).

(٩ , ٤ , ٢) أنماط التربية الداخلية

(٩ , ٤ , ٢ , ١) تربية داخلية من الدرجة الأولى Close inbreeding

وهذا النمط من التربية الداخلية يشير إلى التزاوج بين أفراد معامل القرابة بينهما كبير نسبيا. مثال على ذلك هو التزاوج بين الأشقاءFull-sib mating، أو التزاوج بين أنصاف الأشقاء Half-sib mating، أو تزاوج الآباء بالأبناءParent-offspring mating مثل تلقيح الأب بابنته Sire-daughter mating أو تلقيح الابن بأمه Son-dam mating.

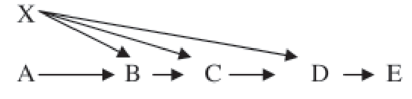
(٩ , ٤ , ٢ , ٢) تربية داخلية من الدرجة الثانية Mild inbreeding

هذا النمط من التربية الداخلية يشير إلى التزاوج بين الأفراد التي معامل القرابة بينهما أقل نسبيا من معامل القرابة بين الأفراد ذات الدرجة الأولى. ومن أمثلتها التزاوج بين أولاد العمومة والعمات أو بين أولاد الخال والخالات Double first cousins.

(٩ , ٤ , ٢ , ٣) التربية الطرزية Line breeding

١- مفهوم التربية الطرزية

تعد التربية الطرزية نمطاً مخففاً من التربية الداخلية يمكن بفضلها الاحتفاظ بدرجة معينة من معامل القرابة بين فرد ممتاز في صفاته الإنتاجية وبين باقي أفراد القطيع مع عدم السماح لمعامل التربية الداخلية لهذه الأفراد بالارتفاع كثيراً. وغالباً ما تتبع التربية الطرزية بتلقيح الطلوقه الممتازة Outstanding bull بناته ثم بحفيداته ثم ببنات حفيداته .... وهكذا. والرسم التخطيطي التالي يوضح نموذجا من نماذج التربية الطرزية التي تتبع في قطعان الحيوانات الزراعية.



تربية طرزية مباشرة نحو الفرد X.

الفرد X ممتاز ولذا فهناك تربية طرزية نحوه ونتيجة لذلك فأن R_{XD} أكبر من R_{XC} وأكبر من R_{XB} .

٢- عدد الطلائق المناسبة عند إتباع التربية الطرزية:

اقترح Lush (Lush 1958) أنه إذا أريد اتباع التربية الطرزية لمدة جيلين أو ثلاثة دون الوقوع في مأزق لقلة الحيوانات الموجودة في القطيع فإنه يجب الاحتفاظ بحجم مناسب ويكفي وجود خمسه طلائق في هذه الحالة. أما إذا كان العدد قليلا فقد اقترح بعض الحلول العملية منها التعاون مع بعض أصحاب القطعان المجاورة في هذا الشأن.

(٣، ٤، ٩) مزايا إتباع التربية الداخلية Advantages of Inbreeding

١- تتيح الفرصة للمنتج أن يحصل على عائلات متجانسة Uniform families داخل عشيرته؛ لأن بعض هذه العائلات قد يكون متميزا عن الآخر.

٢- تعتبر وسيلة فعالة في تثبيت الجينات المرغوب فيها من خلال زيادة تماثل الجينات في الأفراد وبالتالي تثبيت الصفات المرغوب فيها في القطيع. أي أنها تعتبر وسيلة لبناء التراكيب الوراثية المرغوب فيها. هذا وقد استخدمت التربية الداخلية مع الانتخاب في تكوين كثير من سلالات الحيوانات الزراعية التي تحمل الصفات الإنتاجية المرغوبة.

٣- تتيح الفرصة للمنتج للتعرف على الجينات المتنحية غير المرغوب فيها والتي تجتمع في التراكيب الوراثية بحالة أصيلة وبالتالي فإنه يسهل التخلص منها باستبعاد الحيوانات التي تحملها. وكان لاتباع هذه الطريقة أثر كبير في تطهير كثير من قطعان الحيوانات الزراعية من الجينات المميتة وشبه المميتة.

٤- تعطى فرصة جيدة للانتخاب بين الطرز أو العائلات المتكونة للاحتفاظ بأفضلها وذلك من خلال تقسيم القطعان إلى مجموعات.

٥- تؤدي إلى إنتاج طرز متباينة فيما بينها وتختلف في تراكيبها الوراثية لاستخدامها في الخلط لغرض الاستفادة من ظاهرة قوة الهجين Hybrid vigour وفي الحصول على حيوانات عالية الإنتاج.

٦- تؤدي إلى زيادة التماثل وقوة التوريث Prepotency نتيجة زيادة نسبة التراكيب الوراثية المتماثلة.

(٤, ٤, ٩) عيوب اتباع التربية الداخلية Disadvantages of inbreeding

١- تؤدي التربية الداخلية إلى انخفاض مستوى الإنتاجية بصفة عامة وعلى الأخص الصفات التي ترتبط بالكفاءة الفسيولوجية والتناسلية وهذا ما يعبر عنه بالتدهور الناتج عن التربية الداخلية (Inbreeding depression (Dickerson, 1973 ويحدث هذا التدهور نتيجة لما يأتي :

أ) ظهور الجينات المتنحية بحالة أصيلة في الأفراد ويؤدي ذلك إلى تدهور مستوى الصفة في القطيع خصوصا عندما يكون الجين المتنحى غير مرغوب فيه.

ب) في الحالات التي تعطي التراكيب الوراثية الخليطة مظهرا أفضل في أدائها من التراكيب الوراثية الأصيلة السائدة أو المتنحية ويؤدي ذلك إلى خفض مظهر أداء الصفات.

جـ) في الحالات التي تعطي التأثيرات التفوقية أثرا أفضل في مظهر أداء الصفة. ويترتب على ذلك تغير في ترتيب الجينات فتتلاشى التجمعات الجينية التي تسبب التأثيرات التفوقية وبذلك ينخفض المستوى الإنتاجي.

د) تؤدي إلى تماثل الجينات المرغوب فيها وغير المرغوب فيها في وقت واحد ويترتب على ذلك أن يسبب الارتباط بين بعض الجينات المرغوب فيها انخفاضا في مستوى الإنتاج.

٢- تؤدي التربية الداخلية إلى تثبيت الجينات بحالة أصيلة عشوائيا سواء كانت ذات تأثيرات مرغوب فيها أو غير مرغوب فيها. لذلك إذا اتبعت التربية الداخلية بمعدل كبير فإن تثبيت الجينات ذات الأثر المرغوب فيه وغير المرغوب فيه بعضها مع بعض في كثير من أفراد القطيع سيكون سريعا وهذا الموقف يستلزم استبعاد عدد كبير من الحيوانات التي تحمل مثل هذه الجينات وهذا قد يؤدي إلى خسائر مادية كثيرة لمالك القطيع. وقد يؤدي هذا إلى نقص في أفراد القطيع بالقدر

الذي لا يسمح باستمراره في الإنتاج. لذلك عند إتباع التربية الداخلية لا بد أن تكون بمعدل طفيف يسمح باستبعاد الحيوانات التي تحمل التراكيب الوراثية غير المرغوب فيها دون إحداث أي مشاكل للمنتج.

٣- تتسبب التربية الداخلية في تأثيرات ضارة في التحسين الوراثي الذي ينشأ عن الانتخاب إذ قد يصبح أحد الحيوانات أو بعضها في القطيع متماثلاً في جين أو أكثر من الجينات غير المرغوب فيها التي يغطى تأثيرها السيئ أو الضار على تأثير الجينات الأخرى ذات التأثير المرغوب فيه.

٤- تؤدي التربية الداخلية في الطرز المرباة داخلياً Inbred lines إلى أن يكون التباين بين الأفراد كله أو معظمه بيئياً وليس وراثياً وهذا يجعل الانتخاب داخل هذه الطرز غير مجد.

(٥ ,٤ ,٩) حالات استعمال التربية الداخلية Uses of Inbreeding

تستخدم التربية الطرزية عامة في الحالات الآتية :

١- عندما يتأكد المنتج من وجود حيوان ممتاز في قطيعه. وذلك للحصول على أفراد تشبه هذا الحيوان بقدر الإمكان حتى لا تتبعثر هذه التركيبة الجديدة من الجينات بين نسله.

٢- لا تتبع التربية الطرزية في القطعان صغيرة العدد. وهنا لابد أن يكون المنتج على استعداد لاستبعاد أي حيوان رديءأو منخفض الإنتاج. وهذا لا يتيسر إلا في القطعان الكبيرة العدد وإلا اضطر المنتج إلى أحد أمرين، إما أن يستخدم أفراداً دون المستوى أو يدخل أفراداً من خارج القطيع فتفسد خطة التربية.

٣- تستخدم التربية الطرزية في الصفات التي يتحكم فيها الجينات ذات التأثير التفوقي Epistatic effect والتي يكون فيها الانتخاب غير مجدي. وفي هذه الحالة تتبع التربية الطرزية كعلاج للموقف على أن يستمر في الانتخاب بين الأفراد المرباة تربية طرزية حتى لا يتدهور الموقف بسرعة.

٤- تستخدم في حالة وجود أبناء كثيرين للفرد الذي توجه التربية إليه.

وعموما فالتربية الداخلية لها مميزاتها ومضارها ولذلك فهي سلاح ذو حدين وعلى المنتج عند اتباعها أن يكون حريصاً بالقدر الذي يمكنه أن يستفيد من مميزاتها. وبصفة عامة يمكن استخدام التربية الداخلية في الحالات الآتية كما وردت عن Dickerson, 1973 :

١- تجميع الحالات الوراثية المتنحية وغير المرغوب فيها بحالة متماثلة والانتخاب ضدها عن طريق استبعاد الحيوانات التي تحملها في القطيع. وهذا يستلزم استبعاد الحيوانات بمعدل كبير مما يترتب عليه تكاليف باهظة على المربي.

٢- زيادة النقاوة الوراثية في الحيوانات حيث إن هذا الإجراء يكون مرغوباً به في حيوانات المعامل كالأرانب وخنازير غينيا ولكن ليست له قيمة اقتصادية في حيوانات المزرعة.

٣- تكوين طرز مرباة داخليا Inbred lines تختلف في تراكيبها الوراثية ويمكن استخدامها في الخلط لأغراض الإنتاج التجاري.

٤- تكوين طرز أو عائلات للانتخاب فيما بينها كالانتخاب العائلي وهذا النمط من الانتخاب يكون أكثر فاعلية من الانتخاب الفردي في بعض الأحيان؛ لأن انتخاب الطرز يقلل التباينات التي ترجع للبيئة التي قد تخدع المنتج أو تضلله عند تقييم حيواناته على أساس مظهر أدائها الفردي.

٥- تكوين طرز مرباة داخليا لاختيار بعضها التي تكون تقريبا خالية من الجينات غير المرغوب فيها وبالتالي الجمع بين هذه الطرز في قطيع واحد.

٦- عندما يصل المنتج بإنتاج قطيعه إلى مستوى أعلى من متوسط السلالة فيكون من الصعب عليه الحصول على طلائق خارجية بخلاف طلائق من قطيعة؛ لأن استخدام طلائق خارج القطيع يؤدى إلى خفض الإنتاج.

٧- تستعمل التربية الداخلية في تقييم القيمة التربوية الحقيقية للطلائق. فمثلاً تلقيح طلوقة لحوالي ٤٠ أو أكثر من بناته ثم دراسة مظهر أداء الصفات على الأفراد الناتجة ومقارنتها بمظهر أداء الصفة على أمهاتها فإن ذلك يعطي فرصة كافية للحكم على التركيب الوراثي لهذه الطلوقة. ويمكن اتباع هذا بنجاح في القطعان كبيرة العدد التي تستخدم التلقيح الصناعي ويكون التحسين الوراثي للحيوانات هو الهدف الرئيس للمنتج.

٨- تحديد نمط تعبيرات الجين التي تؤثر في الصفات الإنتاجية المختلفة. فإذا كانت التربية الداخلية ذات أثر كبير في الصفة فإنها تتأثر بجينات أغلبها ذات تأثير غير تجمعي Non-additive effect. وإذا كانت تأثيرات التربية الداخلية صغيرة جدا أو غير موجودة فإن هذه الصفة تتأثر بجينات أغلبها ذات تأثير تجمعي Additive effect.

٩- نشر الصفات الممتازة وتركيزها في القطيع. فعندما يحصل المنتج بالانتخاب على فرد ممتاز في صفاته الإنتاجية ويتأكد من أنه يحمل تراكيب وراثية ممتازة فيحاول المنتج حين إذن الاحتفاظ بمثل هذا الفرد لأطول فترة ممكنة.

(٩, ٥) التربية الخارجية أو تربية الأباعد Outbreeding

(٩, ٥, ١) مفهوم التربية الخارجية

تعرف التربية الخارجية Out-breeding بأنها هي التزاوج بين أباء ليست بينهم قرابة unrelated parents أو بين أفراد غير أسلاف Non-relatives . أي بمعنى آخر التزاوج بين أفراد درجة القرابة أو معامل القرابة بينها أقل من متوسط القرابة في القطيع.

(٩, ٥, ٢) نتائج اتباع التربية الخارجية

١- تعمل التربية الخارجية على زيادة نسبة الأفراد في العشيرة ذات التراكيب الوراثية الخليطة Heterozygous وتقلل من نسبة التراكيب الوراثية المتماثلة Homozygous.

٢- تقلل التربية الخارجية من نسبة التشابه في الأداء المظهري بين أفراد القطيع إذا اتبعت جيلاً بعد جيل ويكون ذلك واضحاً في الجيل الأول أو الجيلين الأول والثاني. ومن هذا يتضح أن أثر التربية الخارجية ليس تراكميا Commulative كما هو الحال في التربية الداخلية.

٣- تعطي التربية الخارجية الفرصة لجينات متنحية غير مرغوب فيها في أن تختبئ تحت أليلاتها السائدة المرغوب فيها.

٤- حالات السيادة Dominance وفوق السيادة Over-dominance التي تنتج من إتباع التربية الخارجية ترفع من مستوى إنتاج الأفراد الناتجة مقارنة بمستوى إنتاج آبائها وهذا ما يسمى بظاهرة قوة الخلط Heterosis أو قوة الهجين Hybrid

vigour. ويكون ذلك واضحا في الصفات التي يتحكم فيها جينات تعمل أليلاتها السائدة على تحسين مظهر أدائها. وهي الصفات ذاتها التي يتدهور مظهرها أدائها بدرجة واضحة عند اتباع التربية الداخلية. وتعد الصفات التناسلية مثلاً جيداً لهذه الصفات وبالتالي يمكن تحسين الصفات التناسلية ذات المكافئ الوراثي المنخفض عن طريق الخلط.

(٩, ٥, ٣) أنماط التربية الخارجية Types of Outbreeding

(٩, ٥, ٣, ١) خلط السلالات Crossbreeding

في هذا النوع من الخلط يتم التزاوج بين أفراد من سلالات مختلفة مثل تلقيح أنثى من سلالة ما بذكر من سلالة أخرى. وسوف يتم تناول خلط السلالات في فصل مستقل بهذا الكتاب نظرا لأهميته في تحسين الحيوانات الزراعية.

(٩, ٥, ٣, ٢) الخلط الخارجي Outcrossing

١- مفهوم الخلط الخارجي

هو عبارة عن تربية خارجية داخل السلالة الواحدة وعند ممارسته يتم تلقيح حيوان من قطيع بحيوان من قطيع آخر. أي تزاوج حيوانات لا تمت لبعضها بصلة قرابة ولكنها من السلالة نفسها. ويمكن تعريف الخلط الخارجي أيضا بأنه عبارة عن تزاوج أفراد من طرز Lines أو عائلات Families بأفراد من طرز أو عائلات أو قطعان أخرى ولكنها تتبع السلالة نفسها. وهذا النمط من الخلط الخارجي يتم فيه تلقيح إناث أحد القطعان بطلوقه أو طلائق من قطيع أو قطعان أخرى من السلالة نفسها.

٢- أغراض وأهداف استخدامات الخلط الخارجي

١- الاستفادة من ظاهرة قوة الخلط.

٢- إدخال جينات جديدة بهدف زيادة التباين الوراثي في القطيع ومن ثم زيادة فاعلية الانتخاب.

٣- إدخال صفة أو عده صفات يتميز بها قطيع ما ومن ثم رفع مستوى الصفات الإنتاجية في القطيع.

٤- تجنب الآثار السيئة للتربية الداخلية التي يترتب عليها تدهور الصفات الوراثية في الحيوانات.

ويمارس هذا النمط من التربية الخارجية عندما يستعمل المنتج طلائقه لمدة طويلة أو يتبع التربية الطرزية Line breeding ثم يبدأ في إدخال صفة أو أكثر من قطيع آخر. وليحقق أحد الأغراض السابقة فإنه يستخدم طلائق من قطيع آخر في تلقيح إناث قطيعه لمدة جيل أو جيلين ثم يقتصر على قطيعه بعد ذلك مع ممارسة الانتخاب.

(٩, ٥, ٣, ٣) التلقيح القمي Top crossing

في هذا النمط من التربية الخارجية يكون الأبوان من السلالة نفسها ولكن الطلوقة من طراز ممتاز ويتميز بصفات معينة مرغوب فيها. وفي مثل هذه الأحوال يكون هذا الأب مربى تربية داخلية شديدة.

(٩, ٥, ٣, ٤) التلقيح القاعدي Bottom crossing

ويتم فيه تزاوج بين فردين من السلالة نفسها ولكن الأم تكون من طرز أو عائله أو قطيع مميز وتكون الأم مرباة تربية داخلية.

(٩, ٦) الخلط بين الأنواع Species Hybridization

فهو عبارة عن التزاوج بين إناث من نوع معين بطلائق من نوع آخر. وهناك أمثلة عديدة على هذا النوع من الخلط منها :

١ - التزاوج بين الخيل Mare والحمار Jack لإنتاج البغال Mule والنسل الناتج يكون عادة عقيم أو قليل الخصوبة؛ لعدم التوافق التام بين الكروموسومات للنوعين ونظرا لوجود الكروموسومات في النسل الناتج بحالة فردية.

٢- التلقيح بين الماشية الأوربية Bos tourus وحيوان Bison والحيوانات الناتجة عقيمة والقليل جدا منها خصبا ويسمى الهجين الناتج تجاريا بالاسم Beefalo.

٣- التزاوج بين الأبقار والجاموس والحيوان الناتج يسمى Cattlo وعادة تكون الحيوانات الناتجة عقيمة مع حدوث عسر عند الولادة لكبر حجم العجول الناتجة.

الفصل العاشر

التربية الداخلية وآثارها في العشيرة الحيوانية التي تحكمها الجينات الجسمية

التربية الداخلية Inbreeding هي التزاوج بين الآباء أو بين الأسلاف التي يوجد بينها قرابة Mating related parents or relatives.

(١٠,١) أثر التربية الداخلية على معامل القرابة وتكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية

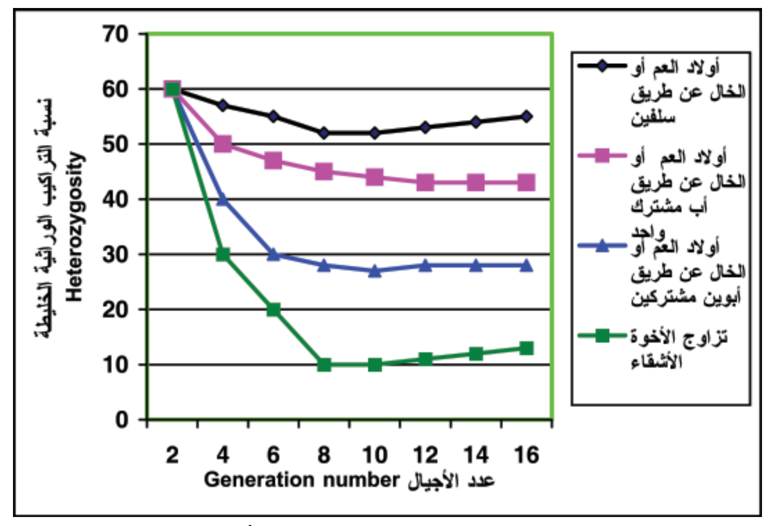
(١٠,١,١) أثر التربية الداخلية على معامل القرابة

عند اتباع التربية الداخلية يزداد معامل القرابة بين الأفراد في القطيع الذي تمارس فيه لتصل أكثر من ٥٠٪.

(١٠,١,٢) أثر التربية الداخلية في تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية

لا تؤثر التربية الداخلية في العشيرة في تكرار الجين ولكنها تزيد من نسب التراكيب الوراثية المتماثلة وفي الوقت نفسه تقلل من نسب التراكيب الوراثية الخليطة في العشيرة بالمعدل نفسه جيلا بعد جيل وهذا يعني أن التربية الداخلية تعيد ترتيب الجينات الموجودة فعلاً في أفراد العشيرة ويترتب على ذلك أنها تزيد من نقاوة الأفراد في القطيع. ويتوقف معامل نقاوة الأفراد على شدة التربية الداخلية التي تتبع حيث يوجد بينهما علاقة طردية. ويوضح الشكل رقم (١٠,١) نسبة التراكيب الوراثية الخليطة عند


استعمال درجات مختلفة من التربية الداخلية في الحيوانات الزراعية.



الشكل رقم (١ , ١٠). نسبة الخليط **Heterozygosity** مع تقدم الأجيال عند اتباع التربية الداخلية.

حيث إن : Full-sib mating = تزاوج الأخوة الأشقاء.

Double-first cousins = أولاد العمومة أو أولاد الخال عن طريق أبوين مشتركين، أي Cousins with two grand-parents in common.

First cousins = أولاد العمومة أو أولاد الخال عن طريق أب واحد مشترك أي Cousins with one grand-parent in common .

Second cousins = أولاد العمومة أو أولاد الخال عن طريق سلفين بعيدين (أباء مشتركة بعيده) ، أي Cousins with two grand-parents in common .

ولذلك يؤثر نظام التزاوج في سرعة الوصول إلى تربية داخلية شديدة في العشيرة. ويوضح الجدول رقم (١ , ١٠) المقارنة بين بعض نظم التربية الداخلية من النوع الشديد Intensive inbreeding في الحيوانات الزراعية. ومن الجدول رقم (١ , ١٠) يلاحظ تزاوج الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء وتزاوج الأباء بالنسل عبر الأجيال يؤدي إلى ارتفاع معامل التربية الداخلية بالقطيع.

الجدول رقم (١ , ١٠). مقارنة نظم التزاوج في الحيوانات الزراعية عند اتباع التربية الداخلية من النوع الشديد عبر الأجيال (معامل التربية الداخلية معبرا عنه كنسبه مئوية).

الجيل	تزاوج إخوة أشقاء Full-sib mating	تزاوج إخوة أنصاف أشقاء Half-sib mating	تزاوج الأب بابنته Sire-daughter mating	طلوقة واحدة للقطيع One-sire herd	خمسة طلائق للقطيع Five-sire herd
١	٢٥	١٢,٥	٢٥	٢,٥	٠,٥
٢	٢٧,٥	٢١,٩	٣٨	٥,٠	١,٠
٣	٥٠,٠	٣٠,٥	٤٤	٧,٥	١,٠
٤	٥٩,٤	٣٨,١	٤٧	١٠	٢
٥	٦٧,٢	٤٤,٩	٤٨	١٢,٥	٢,٥
٦	٧٣,٤	٥٠,٩	٤٩	١٥	٣
٧	٧٨,٥	٥٦,٣	٤٩,٥	١٧,٥	٣,٥

المصدر : Dalton (1980)

واتباع التربية الداخلية يؤدي إلى نقص في الأفراد الخليطة أو زيادة في الأفراد الأصيلة في العشيرة ونسبة النقص يعبر عنها بمعامل التربية الداخلية ويرمز له بالرمز F. وباستخدام التربية الداخلية فإن تكرارات التراكيب الوراثية سوف تتغير ويتوقف مقدار التغير على قيمة معامل التربية الداخلية المعروف بالرمز F كما هو موضح في الجدول رقم (٢ , ١٠). وطبقا لما ورد عن Falconer (Falconer, 1989) يوضح الجدول رقم (٢ , ١٠) هذه العلاقة مع فرض أن p ، q هي التكرار الجيني للجين A_1 ، A_2 على التوالي بالعشيرة.

الجدول رقم (٢ ,١٠). معدل التغير في تكرار التراكيب الوراثية عند اتباع التربية الداخلية بالعشيرة التي بحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية.

التراكيب الوراثية Genotypes	تكرار التراكيب الوراثية قبل حدوث التربية الداخلية (تزاوج عشوائي)	التغير في تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية
A_1A_1	p^2	+ Fpq	p^2+ Fpq
A_1A_2	2pq	- 2Fpq	2Pq- 2Fpq
A_2A_2	q^2	+ Fpq	q^2+ Fpq
Total	1	0	1

تكرار التركيب A_1A_1 بعد حدوث التربية الداخلية :

p^2 + Fpq ....(١٠ ,١)

تكرار التركيب A_1A_2 بعد حدوث التربية الداخلية :

2pq - 2Fpq ....(١٠ ,٢)

تكرار التركيب A_2A_2 بعد حدوث التربية الداخلية :

q^2 + Fpq ....(١٠ ,٣)

تكرار الجين A_1 بعد حدوث التربية الداخلية :

$$p^2 + Fpq + \frac{1}{2}[2pq - 2Fpq] = p^2 + Fpq + pq - Fpq$$

$$= p^2 + pq = p(p+q) = p \qquad (١٠ ,٤)$$

تكرار الجين A_2 بعد حدوث التربية الداخلية :

$$q^2 + Fpq + \frac{1}{2}[2pq - 2Fpq] = q^2 + Fpq + pq - Fpq$$

$$= q^2 + pq = q(p+q) = q \qquad (١٠ ,٥)$$

ومن ثم يمكن القول بأنه عند ممارسة التربية الداخلية يتغير تكرار التراكيب الوراثية في العشيرة في حين يبقى التكرار الجيني ثابتا جيلا بعد جيل.

(٣ ,١ ,١٠) أمثلة محلوله لتوضيح أثر التربية الداخلية على تكرار الجين وتكرار التراكيب الوراثية

مثال محلول رقم (١) : عشيرة بها تكرارات التراكيب الوراثية التالية :

التراكيب الوراثية	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
تكرار التراكيب الوراثية	0.64	0.32	0.04

فإذا علمت أن هذه العشيرة اتبع بها التربية الداخلية وكانت$F = 0.2$ فما هو التكرار الزيجوتى في الجيل التالي؟ وهل التربية الداخلية تؤثر في التكرار الجيني بالعشيرة؟

الحل

تكرار الجين في حالة التزاوج العشوائي هو:

$$p = 0.64 + ½ (0.32) = 0.8$$
$$q = 0.04 + ½ (0.32) = 0.2$$

تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية يكون كما يلي:

تكرار A_1A_1 هو :

$$p^2 + Fpq = (0.8)^2 + (0.2)(0.8)(0.2) = 0.672$$

وتكرار A_1A_2 هو :

$$2pq - 2Fpq = 2(0.8)(0.2) - 2(0.2)(0.8)(0.2) = 0.256$$

وتكرارA_2A_2 هو :

$$q^2 + Fpq = (0.2)^2 + (0.2)(0.8)(0.2) = 0.072$$

ومن تكرارات التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية يمكن حساب تكرار الجين كما يلي:

$$p = 0.672 + ½ (0.256) = 0.8$$
$$q = 0.072 + ½ (0.256) = 0.2$$

ويلاحظ أن تكرارات التراكيب الوراثية هي التي تغيرت في الجيل الثاني في حين لم يحدث تغيير في التكرار الجيني. أي أن التكرار الجيني يبقى ثابتا جيلا بعد جيل من ممارسة التربية الداخلية.

مثال محلول رقم (٢) : ما هي قيمة F إذا علمت أن التربية الداخلية قد تم ممارستها في قطيع مكون من ٥٠٠ حيوان توافرت به الأعداد التالية :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
أعداد الحيوانات	128	144	228	500
تكرارات التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	0.256	0.288	0.456	1.0

تكرار الجين في القطيع بعد ممارسة التربية الداخلية:

$$p= [128+½(144)]/500 = 0.4$$

$$\therefore q= 0.6$$

وحيث إن تكرار التركيبAA بعد حدوث التربية الداخلية يكون:

$$p^2 + Fpq = 0.256$$

$$\therefore (0.4)^2 + F(0.4)(0.6) = 0.256$$

$$\therefore 0.256 = 0.16 + F(0.24)$$

$$\therefore F = (0.256-0.16) / 0.24 = 0.4$$

ولنفرض أن التربية الداخلية استمرت بين أفراد هذا القطيع فاحسب تكرار التراكيب الوراثية عندما يكون معامل التربية الداخلية (F) يتراوح بين الصفر والواحد الصحيح، ثم اشرح الأثر الوراثي للتربية الداخلية من واقع النتائج التي حصلت عليها.

معامل التربية الداخلية (F)	التراكيب الوراثية وتكراراتها			التكرار الجيني	
	AA $p^2 + Fpq$	Aa $2pq - 2Fpq$	aa $q^2 + Fpq$	p	q
0.0	0.16	0.48	0.36	0.4	0.6
0.2	0.208	0.384	0.408	0.4	0.6
0.4	0.256	0.288	0.456	0.4	0.6
0.6	0.304	0.192	0.504	0.4	0.6
0.8	0.352	0.096	0.552	0.4	0.6
1.0	0.4	0	0.6	0.4	0.6

من الجدول السابق يمكن إضافة الحقائق التالية لما سبق ذكره عند مناقشة الأثر الوراثي للتربية الداخلية على العشيرة في حاله التزاوج العشوائي:

١- يتناقص تكرار التراكيب الوراثية الخليطة (Aa) بزيادة معامل التربية الداخلية في حين تتزايد تكرارات التراكيب الوراثية النقية (AA، aa).

٢- يظل تكرار الجين في العشيرة ثابتا لا يتغير من جيل إلى آخر، إذ أن التغير يحدث في تكرار التراكيب الوراثية ولا يحدث أي تغير في تكرار الجين (وذلك بفرض عدم وجود الانتخاب).

٣- يتراوح معامل التربية الداخلية بين الصفر والواحد الصحيح.

تمرين للحل رقم (١) : احسب قيمة معامل التربية الداخليةF في كل من العشائر ذات تكرارات التراكيب الوراثية التالية:

العشيرة (أ) 30 AA : 40 Aa : 30 aa

العشيرة (ب) 70 BB : 0 Bb : 30 bb

تمرين للحل رقم (٢) : احسب تكرار الجين واختبر للاتزان في الجيل الأول والثاني في العشائر التالية :

عشيرة الإناث بها 10 BB ، 40 Bb ، 50 bb ،

عشيرة الذكور بها ٤٪ من الأفراد يحملون التركيب الوراثيbb.

ثم وضح هل عشيرة الإناث كان يتبع فيها نظام التزاوج العشوائي أم لا وذلك إذا علمت أن قيمة مربع كاي الجدولية عند درجة حرية واحدة هي ٣,٨٤ ؟ وإذا فرض اتباع التربية الداخلية في عشيرة الإناث حيث كانت F = ٠,٢ فما هو تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني بعد حدوث التربية الداخلية؟

(١٠,٢) أثر التربية الداخلية على متوسط العشيرة

علمنا سابقا تعبيرات الجين وكيفيه حساب متوسط القطيع بمعلومية قيم الأفراد وتراكيبها الوراثية في حاله التزاوج العشوائي، وأمكننا استنباط معادلة يمكن استخدامها في حساب هذا المتوسط وهى:

$$M_o = a (p - q) + 2dpq \quad \text{(١٠,٦)}$$

حيث :

M_o = متوسط العشيرة في حاله التزاوج العشوائي كانحراف عن نقطة الوسط.

p ، q = التكرار الجيني للعشيرة.

a = مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي السائد الأصيل عن نقطة الوسط.

d = مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي الخليط عن نقطة الوسط.

(١٠, ٢, ١) أثر التربية الداخلية في متوسط العشيرة عندما يكون أثر الجين تجمعيا

يوضح الجدول رقم (١٠, ٣) كيفية استنباط معادلة يمكن استخدامها في حساب متوسط العشيرة في حالة اتباع التربية الداخلية وعندما يكون أثر الجين تجمعيا (أي في حالة غياب السيادة $d = 0$).

الجدول رقم (١٠, ٣). كيفية حساب متوسط العشيرة في حالة اتباع التربية الداخلية وعندما يكون أثر الجين تجمعياً.

التركيب الوراثي	تكرار التراكيب الوراثية قبل حدوث التربية الداخلية	مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط	التغير في تكرار التراكيب الوراثية بعد ممارسة التربية الداخلية	تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	(مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط) (تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية)
A_1A_1	P^2	+ a	+ Fpq	p^2 + Fpq	ap^2 + aFpq
A_1A_2	2pq	0	-2Fpq	2pq - 2Fpq	0
A_2A_2	q^2	-a	+ Fpq	q^2 + Fpq	$-aq^2$ – aFpq
Total	1		0	1.0	$ap^2 + aFpq – aq^2 - aFpq = a(p- q)$

وبالتالي يمكن إيجاد قيمة العمود الأخير في الجدول رقم (١٠, ٣) والذي يمثل متوسط العشيرة بعد حدوث التربية الداخلية كما يلي :

$$ap^2 + aFpq - aq^2 - aFpq = ap^2 - aq^2 =$$
$$a(p^2 - q^2) = a(p-q)(p + q) = a(p-q)$$

ومن المعروف سابقاً أن متوسط العشيرة في حالة التزاوج العشوائي في حالة أن يكون أثر الجين تجمعياً هو :

(١٠ , ٧)........................ $M_o = a(p-q)$

وأن المجموع بالعمود الأخير بالجدول رقم (٣ , ١٠) يمثل متوسط العشيرة بعد اتباع التربية الداخلية (M_F) في حالة أن يكون أثر الجين تجمعياً ومعبرا عنه كانحراف عن نقطة الوسط :

(١٠ , ٨)........................ $M_F = a(p-q)$

ويلاحظ أنه عندما يكون الجين ذا أثر تجمعي (أي غياب السيادة) فإن التربية الداخلية لا يكون لها أثر في متوسط العشيرة. أي أن متوسط العشيرة في حالة وجود أو عدم وجود التربية الداخلية يكون a (p-q).

(١٠, ٢, ٢) أثر التربية الداخلية في متوسط العشيرة عندما يكون أثر الجين سيادياً

وبالأسلوب السابق نفسه يوضح الجدول رقم (٤ , ١٠) كيفية استنباط معادلة لحساب متوسط العشيرة في حاله اتباع التربية الداخلية وعندما يكون أثر الجين سيادياً.

الجدول رقم (٤ ,١٠). كيفية حساب متوسط العشيرة في حاله اتباع التربية الداخلية وعندما يكون أثر الجين سيادياً.

(مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط) (تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية)	تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	التغير في تكرار التراكيب الوراثية بعد ممارسة التربية الداخلية	مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط (G)	تكرار التراكيب الوراثية قبل حدوث التربية الداخلية	التركيب الوراثي
$ap^2 + aFpq$	$p^2 + Fpq$	+ Fpq	+ a	p^2	A_1A_1
2dpq - 2Fdpq	2pq - 2Fpq	-2Fpq	d	2pq	A_1A_2
$-aq^2 – aFpq$	$q^2 + Fpq$	+ Fpq	-a	q^2	A_2A_2
a(p-q) + 2dpq-2dpqF	1.0	0		1	Total

حيث إن قيمة العمود الأخير في الجدول رقم (٤ , ١٠) يمكن إيجاده كما يلي :

$$ap^2 + aFpq + 2dpq - 2Fdpq - aq^2 – aFpq = a (p^2 - q^2) + 2dpq (1-F)$$
$$= a (p-q) (p+q) + 2dpq (1-F) = a (p-q) + 2dpq - 2dpqF$$

والمجموع بالعمود الأخير في الجدول رقم (٤ , ١٠) يمثل متوسط العشيرة بعد حدوث التربية الداخلية M_F وعندما يكون أثر الجين سياديا ومعبرا عنه كانحراف عن نقطة الوسط :

$$M_F = a(p-q) + 2dpq - 2dpqF = M_o - 2dpqF \quad \text{..........} (١٠ , ٩)$$

حيث إن :

M_o = متوسط العشيرة عند اتباع التزاوج العشوائي (قبل حدوث التربية الداخلية).

2dpqF= التدهور الناتج من اتباع التربية الداخلية والذي يطلق عليه Inbreeding depression. ومعنى ذلك أن متوسط العشيرة عند اتباع التربية الداخلية وعندما يكون أثر الجين سائدا ينخفض عن متوسط العشيرة في حالة التزاوج العشوائي بقيمة مقدارها 2dpqF. ومن هذه المعادلة يتضح أن مقدار التدهور في متوسط العشيرة يتناسب طردياً مع قيمة معامل التربية الداخلية في القطيع ومقدار انحراف الأفراد الخليطة عن نقطة الوسط فيه. أي أنه كلما زادت قيمة F زاد مقدار التدهور وكذلك كلما زادت قيمة d (انحرافات السيادة) زاد مقدار التدهور في متوسط العشيرة.

وجدير بالذكر هنا ملاحظة أن الصفات التي يتحكم في توارثها الجينات ذات الأثر التجمعي فإن التربية الداخلية لا تؤثر في متوسطها مهما كانت قيمة F وهو ما يمكن ملاحظته في الصفات ذات المكافئ الوراثي المرتفع عكس الصفات ذات المكافئ الوراثي المنخفض أو التي يكون منشأ التباين الوراثي فيها انحرافات السيادة (Dickerson, 1973). أي أن الصفات التي تحكمها جينات أليلاتها سائدة تتدهور كثيراً باتباع التربية الداخلية.

(٣ ,٢ ,١٠) مثال محلول لحساب معامل التربية الداخلية ومتوسط العشيرة عند اتباع التربية الداخلية

لديك عشيرتين A، B تم ممارسة التربية الداخلية فيهما. احسب متوسط العشيرة وقيمة F في كل عشيرة على حدة إذا علمت المعلومات التالية :

	العشيرة A			العشيرة B		
التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	BB	Bb	bb
تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	P^2	2pq	q^2	P^2	2pq	q^2
عدد الأفراد	300	400	300	300	-	700
قيمة التركيب الوراثي بالوحدات	20	18	12	8	6	4
مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط	+a	d	-a	+a	D	-a

فيما يتعلق بالعشيرة A فإن تكرار التراكيب الوراثية هو :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	0.30	0.4	0.3	1.0

وبالتالي فإن التكرار الجيني يكون :

$$p = 0.3 + ½ (0.4) = 0.5 \qquad q = 0.5$$

وباستخدام أسلوب فالكونر Falconer للاختزال يلاحظ أن :

التركيب الوراثي	AA	Aa	نقطة الوسط	aa
قيمة التركيب الوراثي بالوحدات	20	18	16	12
مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط	+a	.d	0	-a

وبالتالي فإن :

القيمة الوسطية = (٢٠ + ١٢) ÷ ٢ = ١٦ وحدة

مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي AA عن نقطة الوسط (+a) = ٢٠ – ١٦ = ٤ وحدة

مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي Aa عن نقطة الوسط (d) = ١٨ – ١٦ = ٢ وحدة

مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي aa عن نقطة الوسط (-a) = ١٢ – ١٦ = –٤ وحدة

إذاً يكون الجين A ذات أثر سائد على الجين a.

متوسط العشيرة A في حاله التزاوج العشوائي (M_o) يمكن حسابه كالتالي :

$$M_o = a (p - q) + 2dpq = 4 (0.5 - 0.5) + 2 (2) (0.5) (0.5) = 1 \text{ unit}$$

وبعد إجراء التربية الداخلية فإن نسب التراكيب الوراثية تكون كالآتي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
تكرار التراكيب الوراثية بعد اتباع التربية الداخلية	$p^2 + Fpq$	$2pq - 2Fpq$	$q^2 + Fpq$

ومن تكرار التركيب الوراثي AA عند اتباع التربية الداخلية وهو $p^2 + Fpq$ يمكن حساب قيمة معامل التربية الداخلية (F) كما يلي :

$$\therefore\ 0.3 = (0.5)^2 + F(0.5)(0.5)$$

$$\therefore\ F = (0.3-0.25)/0.25 = 0.2$$

وبالأسلوب السابق نفسه يمكن إيجاد قيمة F باستخدام تكرار التراكيب الوراثية الأخرى وهي Aa ، aa.

هذا ويمكن حساب متوسط العشيرة بعد اتباع التربية الداخلية (M_F) كالآتي :

$$M_F = M_o - 2dpqF = 1 - 2\,(2)\,(0.5)\,(0.5)\,(0.2) = 1-0.2 = 0.8$$

ويلاحظ هنا أن متوسط العشيرة بعد اتباع التربية الداخلية أقل من متوسط العشيرة عند اتباع التزاوج العشوائي. ولنفرض أن التربية الداخلية استمرت بين أفراد هذه العشيرة فاحسب متوسط العشيرة عند قيم مختلفة من معامل التربية الداخلية (قيم تتراوح بين الصفر والواحد الصحيح).

معامل التربية الداخلية F	متوسط العشيرة عند درجات مختلفة من F كانحراف عن نقطة الوسط Mean = a(p –q) + 2dpq - 2dpqF	متوسط العشيرة الفعلي بالوحدات
0.0	4(0.5 - 0.5) + 2(2)(0.5)(0.5) – 2(2)(0.5) (0.5)(0) = 1.0	16+1=17
0.2	0 + 1 - 0.2 = 0.8	16+0.8=16.8
0.4	0 + 1 - 0.4 = 0.6	16.6
0.6	0 + 1 - 0.6 = 0.4	16.4
0.8	0 + 1 - 0.8 = 0.2	16.2
1.0	0 + 1 - 1.0 = 0	16.0

تمرين : قم بحساب متوسط العشيرة ومعامل التربية الداخلية بالنسبة للعشيرة

B بالمثال السابق.

(٣ , ١٠) أثر التربية الداخلية في التباين الوراثي في العشيرة في حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا (في غياب السيادة)

وفي هذه الحالة تكون d = Zero ومتوسط العشيرة هو a (p-q) وبالتالي يمكن توضيح أثر التربية الداخلية في التباين الوراثي كما هو موضح في الجدول رقم (٥ , ١٠).

الجدول رقم (٥ , ١٠). أثر التربية الداخلية في التباين الوراثي بالعشيرة عندما يكون أثر الجين تجمعياً.

التركيب الوراثي	مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط	تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية × (مقدار انحراف التركيب الوراثي عن نقطة الوسط - متوسط العشيرة)٢
A_1A_1	+a	$p^2 + Fpq$	$(p^2 + Fpq)\ [a - a\ (p-q)]^2$
A_1A_2	0	2pq - 2Fpq	$2pq - 2Fpq\ [0 – a\ (p -q)]^2$
A_2A_2	-a	$q^2 + Fpq$	$q^2 + Fpq\ [-a –a\ (p-q)]^2$
Total			$2pqa^2 + 2pqa^2F$

وبما أن متوسط العشيرة وهو a (p-q) لا يتأثر بالتربية الداخلية طالما أن الجين ذو أثر تجمعي، وعليه يكون التباين الوراثي σ^2_G للصفة في العشيرة في حالة وجود التربية الداخلية يساوي مجموع حاصل ضرب تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية في مربع مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي عن متوسط العشيرة.

التباين الوراثي = تكرار التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية × (قيمة التركيب الوراثي – متوسط العشيرة)٢

$$\therefore\ \sigma^2_G = 2pqa^2 + 2pqa^2F \quad ....(١٠ , ١٠)$$

حيث إن :

$2pqa^2$ = التباين الوراثي التجمعي σ^2_A في العشيرة قبل حدوث التربية الداخلية (حالة التزاوج العشوائي).

$2pqa^2F$ = مقدار الزيادة في التباين الوراثي بسبب حدوث التربية الداخلية.

ومن ثم فإن التباين الوراثي في حالة حدوث التربية الداخلية يكون:

$$\therefore\ \sigma^2_G = 2pq\ a^2(1+F) = \sigma^2_A\ (1+F) \qquad (١٠ , ١١)$$

هذا التباين الوراثي عند حدوث التربية الداخلية وفي غياب السيادة يمكن تقسيمه إلى جزأين هما :

١ – التباين بين الطرز $2F\ \sigma^2_A$.

٢ – تباين داخل الطرز $\sigma^2_A\ (1-F)$ ، أي التباين بين الأفراد داخل الطرز.

فإذا كانت F = ٠,٥ فإن التباين بين الطرز يكون :

$$2F\sigma^2_A = 2pqa^2(2F) = 2pqa^2(2)(0.5) = 2pqa^2 = \sigma^2_A$$

وأن التباين داخل الطرز يساوي :

$$\sigma^2_A\ (1-F) = 2pqa^2(1-F) = 2pqa^2(0.5) = \frac{1}{2}\sigma^2_A$$

ويمكن توضيح ذلك فيما يلي :

مصدر التباين الوراثي عند حدوث التربية الداخلية	التباين الوراثي عند حدوث التربية الداخلية	التباين الوراثي عندما F = 0.5
بين الطرز	$2F\sigma^2_A$	σ^2_A
داخل الطرز	$\sigma^2_A\ (1-F)$	$\frac{1}{2}\ \sigma^2_A$
Total	$\sigma^2_A\ (1+F)$	

أي أن التباين الوراثي التجمعي بين الأفراد داخل الطرز = نصف التباين الوراثي التجمعي بين الطرز.

$$pqa^2/2pqa^2 = 0.5$$

مثال محلول : **إذا فرضنا أن** $a = 5$ ، $p = q = 0.5$ فاحسب مقدار التباين الوراثي بين الطرز وبين الأفراد داخل الطرز بالعشيرة تبعا لقيم مختلفة من معامل التربية الداخلية (F) ؟

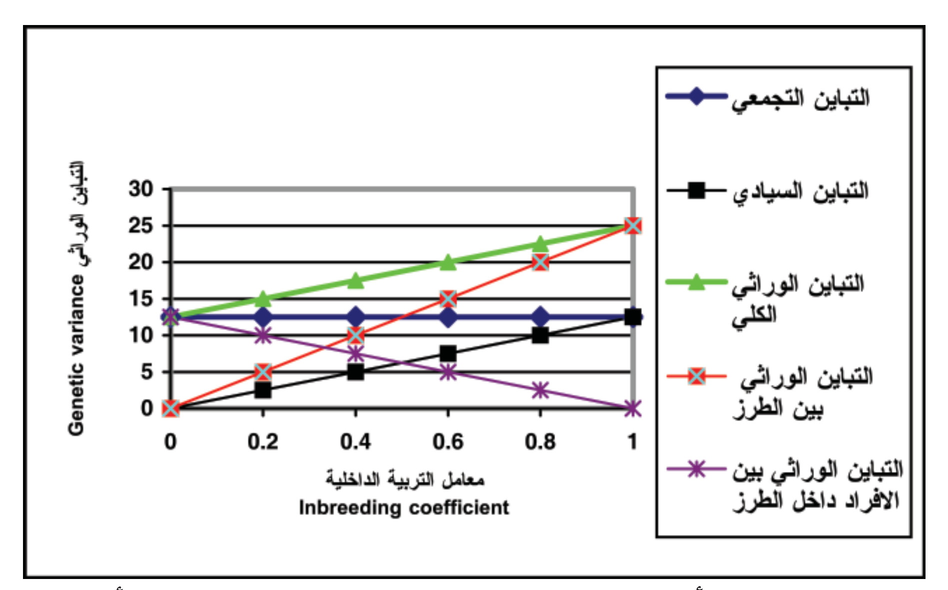
التباين الوراثي الكلي $\sigma^2_A(1+F)$	التباين الوراثي بين الأفراد داخل الطرز $\sigma^2_A(1-F)$	التباين الوراثي بين الطرز $2F\sigma^2_A$	التباين الوراثي السيادي σ^2_D	التباين الوراثي التجمعي $\sigma^2_A = 2pqa^2$	F
12.5	12.5	0	0.0	12.5	0.0
15.0	10	5	2.5	12.5	0.2
17.5	7.5	10	5	12.5	0.4
20.0	5	15	7.5	12.5	0.6
22.5	2.5	20	10	12.5	0.8
25.0	0	25	12.5	12.5	1.0

الحل

يلاحظ هنا زيادة التباين الوراثي بمقدار ٥ , ٢ وحدة لكل زيادة مقدارها ٢ , ٠ من قيمة F.

ويوضح الشكل رقم (٢ , ١٠) أثر التربية الداخلية على التباين الوراثي ومكوناته بالمثال السابق عندما ($p = q = 0.5$, $a = 5.0$).

ويلاحظ من الرسم ازدياد التباين الوراثي بين الطرز وانخفاض التباين الوراثي بين الأفراد داخل الطرز وذلك مع زيادة معامل التربية الداخلية (F) في حين لم يتغير التباين الوراثي التجمعي (σ^2_A) بزيادة قيمة F.



الشكل رقم (١٠,٢). تأثير شدة التربية الداخلية على التباين الوراثي بين الطرز وبين الأفراد داخل الطرز والتباين التجمعي في العشيرة عند غياب السيادة.

(١٠, ٤) أثر التربية الداخلية في المكافئ الوراثي في حالة غياب السيادة

سوف يجرى هنا حساب المكافئ الوراثي بعد حدوث التربية الداخلية في العشيرة وفي غياب السيادة. فمن المعروف أن معادلة المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع عند اتباع التزاوج العشوائي في العشيرة تكون :

$$(١٠, ١٢)............ \quad h_o^2 = \frac{\sigma^2_{G0}}{[(\sigma^2_{G0} + \sigma^2_{E0})]}$$

وبما أن التباين الوراثي σ^2_{Go} = التباين التجمعي σ^2_{A} نظرا لغياب السيادة.

ومن المعروف أيضا أن التربية الداخلية تؤدي إلي زيادة التباين الوراثي (σ^2_{Go}) بين الطرز، من ثم فإن المكافئ الوراثي بعد حدوث التربية الداخلية (h^2_F) يكون :

$$(١٠, ١٣)..... \quad h^2_F = \frac{(\sigma^2_{G0} + F\sigma^2_{G0})}{[(\sigma^2_{G0} + \sigma^2_{E0}) + F\sigma^2_{G0}]}$$

أي أن قيمة $F\sigma^2_{G0}$ تمثل معدل الزيادة في التباين الوراثي نتيجة اتباع التربية الداخلية.

وبقسمة البسط والمقام على $(\sigma^2_{Go} + \sigma^2_{Eo})$ فإن h^2_F تكون كالتالي :

$$h^2_F = \frac{\left[\dfrac{\sigma^2_{G_0}}{\sigma^2_{G_0} + \sigma^2_{E_0}} + \dfrac{F\sigma^2_{G_0}}{\sigma^2_{G_0} + \sigma^2_{E_0}}\right]}{\left[\dfrac{\sigma^2_{G_0} + \sigma^2_{E_0}}{\sigma^2_{G_0} + \sigma^2_{E_0}} + \dfrac{F\sigma^2_{G_0}}{\sigma^2_{G_0} + \sigma^2_{E_0}}\right]} = \frac{[h^2_o + (F)(h^2_o)]}{[1 + (F)(h^2_o)]}$$

$$\therefore h^2_F = \frac{[h^2_o(1+F)]}{[1+(F)(h^2_o)]} \quad \text{.............(١٠ , ١٤)}$$

حيث إن : h^2_F = المكافئ الوراثي بين الطرز عند حدوث التربية الداخلية في العشيرة٠

F = معامل التربية الداخلية٠

h^2_o= المكافئ الوراثي في العشيرة الأصلية في حالة التزاوج العشوائي.

وعلى الجانب الأخر فإن المكافئ الوراثي بين الأفراد داخل الطرز عند حدوث التربية الداخلية يكون :

$$h^2_F = \frac{[h^2_o(1-F)]}{[1-(F)(h^2_o)]} \quad \text{.............(١٠ , ١٥)}$$

أي أن المكافئ الوراثي ينخفض مع اتباع التربية الداخلية في العشيرة صغيرة العدد نتيجة انخفاض التباين الوراثي بين الأفراد داخل الطرز.

مثال محلول : في عشيرة من ماشية اللبن تتزاوج عشوائيا وجد أن التباين الوراثي غير التجمعي Non-additive variance لصفة إنتاج اللبن كان بسيطا وأن المكافئ الوراثي لهذه الصفة = ٠,٣٤ فإذا علمت أن هذه العشيرة بدأت أصلا من زوج واحد من الحيوانات فما هو تقديرك للمكافئ الوراثي في العشيرة الأصلية التي أخذ منها ذلك الزوج من الحيوانات؟

من المعلوم بالمثال أن العشيرة بدأت أصلا من زوج واحد من الحيوانات فهذا يعني أن التزاوج تم بين أخوة أنصاف أشقاء. ومن ثم فإن معامل التربية الداخلية = ٢٥ , ٠ وبالتالي فإن قيمة المكافئ الوراثي في العشيرة الأصلية بالمعنى الواسع يمكن حسابه كما يلي:

$$h_F^2 = \frac{[h_o^2(1+F)]}{[1+(F)(h_o^2)]} = \frac{[h_o^2(1+0.25)]}{[1+(0.25)(h_o^2)]}$$

$$\therefore 0.34 = \frac{[h_o^2(1+0.25)]}{[1+(0.25)(h_o^2)]}$$

$$\therefore h_o^2 = 0.29$$

يلاحظ أن المكافئ الوراثي بالمعني الواسع في العشيرة الأصلية = ٢٩ , ٠ وعند اتباع التربية الداخلية يزداد المكافئ الوراثي ليصبح ٣٤ , ٠، ومن ثم يمكن القول أن اتباع التربية الداخلية يؤدي إلي زيادة في التباين الوراثي الكلي (σ^2_G) ومن ثم زيادة المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع، في حين لا تؤثر التربية الداخلية في التباين الوراثي التجمعي (σ^2_A) ومن ثم لا تؤثر في المكافئ الوراثي بالمعني الضيق.

(٥ , ١٠) تأثير حجم العشيرة في معامل التربية الداخلية لكل جيل

في القطعان صغيرة العدد التي تتزاوج عشوائيا فإن ذلك يؤدى إلى حدوث التربية الداخلية وبالتالي فإن معامل التربية الداخلية في العشائر صغيرة العدد يعتمد على عدد الطلائق وعدد الإناث التي تستخدم في التزاوج وعليه فإن الزيادة المتوقعة في معامل التربية الداخلية في القطيع (ΔF) يمكن حسابها طبقا لمعادلة Wright (Wright, 1934) كما يلي:

$$\Delta F = \frac{1}{8N_f} + \frac{1}{8N_m} \quad \text{................(١٠ , ١٦)}$$

حيث إن :

ΔF = الزيادة المتوقعة في معامل التربية الداخلية في كل جيل من اتباع التربية الداخلية.

N_f = عدد الإناث المستخدمة في التزاوج.

N_m = عدد الذكور أو الطلائق المستخدمة في التزاوج.

وعندما تكون الإناث أضعاف الذكور فإن المعادلة تصبح.

$$\Delta F = \frac{1}{8N_m} \quad \text{......................(١٠ , ١٧)}$$

مثال محلول : قطيع مكون من ١٠٠ نعجة و ١٠ كباش فما هو معدل الزيادة في التربية الداخلية مع تدوين ملاحظاتك؟

$$\Delta F = \frac{1}{8(100)} + \frac{1}{8(10)} = 0.01375$$

ولو استعملنا كبشا واحد لعدد ١٠٠ نعجة فإن معدل التغير الناتج يكون :

$$\Delta F = \frac{1}{8N_f} + \frac{1}{8N_m} = \frac{1}{8(100)} + \frac{1}{8(1)} = 0.12625$$

يتضح من هذه الأرقام أن استعمال نسبة أقل من الذكور سيتسبب عنه زيادة في معامل التربية الداخلية؛ وذلك لأن جميع الأفراد الناتجة في الجيل الثاني تكون فعلاً أنصاف أشقاء، بالتالي نتوقع زيادة كبيرة في معامل التربية الداخلية إذا استعمل عدد أقل من الذكور وهذا عادة ما يحدث كثيرا في مزارع تربية الحيوان والدواجن.

(١٠, ٦) حساب معدل التغير في التربية الداخلية عبر الأجيال المتعاقبة

لعل أهمية هذا الموضوع تكون واضحة تماما في مزارع تربية الأرانب، ففي هذه المزارع كثيراً ما تظهر بعض الأوبئة مثل التسمم الدموي أو التسمم المعوي وخلافه والتي قد تؤدي بحياة معظم أفراد القطيع ويضطر المنتج إلى تشكيل قطعية في الجيل الثاني من العدد القليل من الحيوانات التي تبقى فهذا العدد الصغير يؤثر بالتأكيد في كل التراكيب في جميع الأجيال التالية وأن معدل الزيادة في التربية الداخلية للأجيال المتعاقبة يمكن حسابها من المعادلة التالية :

$$\Delta F_G = \frac{1}{G}\left[\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} + \text{........} + \frac{1}{n_G}\right] \quad \text{........(١٠ , ١٨)}$$

حيث إن: G = عدد الأجيال.

n_1= عدد الأفراد في الجيل الأول.

n_2 = عدد الأفراد في الجيل الثاني.

n_G = عدد الأفراد في الجيل الأخير.

ΔF_G = معدل الزيادة في التربية الداخلية لعدد G من الأجيال التي اتبعت فيها التربية الداخلية.

يتضح أنه إذا تزايد عدد الأفراد زيادة كبيرة في أحد الأجيال فإننا نتوقع انخفاضاً في معدل الزيادة في معامل التربية الداخلية وعند استيراد الحيوانات من الخارج على سبيل المثال.

مثال محلول: افترض أن استورد ٣٠ حيوان فريزيان وارتفع العدد في النسل الناتج من خلال تزاوجها في الجيل الأول إلى ١٠٠ حيوان ثم إلى ٥٠٠ حيوان في الجيل الثاني ثم إلى ٢٠٠٠ حيوان في الجيل الثالث. احسب معدل الزيادة في التربية الداخلية عبر الأجيال الثلاثة.

$$\Delta F_G = \frac{1}{G}[\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} + \ldots\ldots + \frac{1}{n_G}]$$

$$\therefore \Delta F_G = \frac{1}{3}\left[\frac{1}{100} + \frac{1}{500} + \ldots\ldots.. + \frac{1}{2000}\right] = 0.0042$$

يتضح هنا أن قيمة $F_G\Delta$ تصبح صغيرة في حالة استخدام الأعداد الكبيرة عبر الأجيال الثلاثة عما نتوقعه لو أبقينا العدد ١٠٠ حيوان ثابتة بلا زيادة. ويتضح من المثال السابق أن هناك علاقة عكسية بين ΔF_G وعدد الأجيال وهناك علاقة طردية بين F وعدد الأجيال.

(١٠, ٧) أمثلة محلولة عن التوصيف الوراثي للعشيرة التي يحكمها زوج واحد من الجينات الجسمية

(١٠, ٧, ١) مثال محلول رقم (١) لتقدير بعض المقاييس الوراثية بالعشيرة في حالة عدم وجود تربية داخلية وأثر الجين تجمعيا أو سياديا

مثال محلول : عند حصر قطيع مكون من ٣٠٠٠ حيوان وجدت به الأعداد التالية :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
أعداد الحيوانات	1080	1440	480	3000
تكرارات التراكيب الوراثية	0.36	0.48	0.16	1.0
القيم المظهرية للتراكيب الوراثية بالوحدات في حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا	12	7	2	
القيم المظهرية للتراكيب الوراثية بالوحدات في حالة أن يكون الجين A سائد سيادة تامة علي a	12	12	2	

هل تمت ممارسة التربية الداخلية في هذا القطيع ؟ وضح ذلك.

الحل

أ) حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا (غياب السيادة):

تكرار الجين في القطيع :

$$p= [1080+½(1440)]/3000 = 0.6$$

$$\therefore q= 0.4$$

ولو فرض أنه قد تمت ممارسة التربية الداخلية في هذا القطيع فإن تكرار التركيب الوراثي AA يكون :

$$p^2 + Fpq = 0.36$$

$$\therefore (0.6)^2 + F(0.6)(0.4) = 0.36$$

$$\therefore 0.36 = 0.36 + F(0.24)$$

$$\therefore F = (0.36 - 0.36) / 0.24 = 0.0$$

وبما أن قيمة F تساوي صفرا لذلك فإن هذا القطيع لم تمارس فيه التربية الداخلية.

وفي هذا المثال فإن متوسط أثر الجين طبقا لأسلوب Falconer يمكن حسابه كالتالي :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	d = 0	-a
القيم المظهرية	12	7	2

نقطة الوسط = (١٢ + ٢) ÷ ٢ = ٧ وحدة

قيمة a (أي مقدار انحراف AA عن نقطة الوسط) = ١٢ - ٧ = ٥ وحدة

قيمة d (أي مقدار انحرافAa عن نقطة الوسط) = ٧ -٧ = صفر

متوسط أثر الجين A هو α:

$$\alpha = q\,[a + d(q\text{-}p)] = 0.4\,[5 + 0(0.4 - 0.6)] = 2.0 \text{ unit}$$

ومتوسط أثر الجين a هو β:

$$\beta = -p\,[\,a + d\,(q - p)] = -0.6\,[5 + 0(0.4 - 0.6) = -3.0 \text{ unit}$$

وأن متوسط أثر إبدال الجين (Φ) هـــو :

$$\Phi = a + d\,(q - p) = 5 + 0(0.4 - 0.6) = 5 \text{ unit}$$

يلاحظ هنا أن انحرافات السيادة تساوي صفرا حيث إن قيمة d = صفر (غياب السيادة) ومن ثم فإن القيمة الوراثية تساوي القيمة التربوية. وفي هذه الحالة فإن الجينات يقال عليها جينات تجمعيه Additive genes أو تفعل تجمعيا Act additively.

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي (AA) كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$A_{AA} = 2q\Phi = 2q[(a + d(q\text{ -}p)] = 2(0.4)\,[\,5] = 4 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي (Aa) كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$A_{Aa} = (q\text{-}p)\Phi = (0.4 - 0.6)(5) = -1.0 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي (aa) كانحراف عن نقطة الوسط هي :

$$A_{aa} = -2p\Phi = -2(0.6)(5) = -6 \text{ unit}$$

ومن ثم فإن متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a يكون :

$$A_{AA}\text{-}\,A_{Aa} = 4 - (-1) = 5 \text{ unit}$$

وأن متوسط أثر إبدال الجين a محل الجين A يكون :

$$A_{aa} - A_{Aa} = -6 - (-1) = -5 \text{ unit}$$

هذا ويمكن حساب التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة في حالة غياب التباين السيادي ومع إغفال التباين البيئي كما يلي:

$$\sigma^2_A = \sum F (A - \overline{P})^2$$

وبما أن A هي القيمة التربوية لكل تركيب وراثي، ومن ثم فإن التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون:

$$\sigma^2_A = F_{AA} (A_{AA} - \overline{P})^2 + F_{Aa} (A_{Aa} - \overline{P})2 + F_{aa} (A_{aa} - \overline{P})_2$$

هذا ويمكن تمثيل ما سبق فيما يلي :

التركيب الوراثي	التكرار (F)	القيمة المظهرية بالوحدات (P)	القيمة التربوية بالوحدات(A)	FxP	التباين المظهري $F(P-\overline{P})^2$	التباين التجمعي $F(A-\overline{P})^2$
AA	0.36	12	12	4.32	5.76	5.76
Aa	0.48	7	7	3.36	0.48	0.48
aa	0.16	2	2	0.32	5.76	5.76
Total	1.0			$\sigma^2_P = \Sigma F(P-\overline{P})^2$ = 8.0 unit	$\sigma^2_P = \Sigma F(P-\overline{P})^2$ = 12 unit²	$\sigma^2_A = \Sigma F(A-\overline{P})^2$ = 12 unit²

وباستخدام أسلوب Falconer يمكن حساب التباين التجمعي بالعشيرة كالتالي :

$$\sigma^2_A = 2pq[a+d(q-p)]^2 = 2(0.6)(0.4)[5+0(0.4-0.6)]^2 = 12 \text{ unit}^2$$

وهي النتيجة المتحصل عليها نفسها في الجدول السابق.

يلاحظ من الجدول السابق ما يلي :

١ - تتساوى القيم التربوية مع القيم المظهرية.

٢- يتساوى التباين الوراثي التجمعي مع التباين المظهري.

٣- التباين السيادي يساوي صفرا.

ب) حالة أن يكون أثر الجين سياديا :

وفي المثال السابق نجد أن:

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
مقدار انحراف قيمة التركيب الوراثي عن نقطة الوسط لمظهر الصفة	+a	d =a	-a
القيم المظهرية	12	12	2

نقطة الوسط = (١٢ + ٢) ÷ ٢ = ٧ وحدة

قيمة a (أي مقدار انحراف AA عن نقطة الوسط) = ١٢ - ٧ = ٥ وحدة

قيمة d (أي مقدار انحرافAa عن نقطة الوسط) = ١٢ -٧ = ٥ وحدة

ويمكن حساب متوسط أثر الجين A وهو α طبقا لأسلوب Falconer كالتالي :

$$\alpha = q\,[a + d(q-p)] = 0.4\,[5 + 5(0.4 - 0.6)] = 1.6 \text{ unit}$$

ومتوسط أثر الجين a وهو β يكون:

$$\beta = -p\,[\,a + d\,(q - p)] = -0.6\,[5 + 5(0.4 - 0.6) = -2.4 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي AA كانحراف ف عن نقطة الوسط هي :

A_{AA} = ٢(متوسط أثر الجينA)

$$A_{AA} = 2(1.6) = 3.2 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي Aa كانحراف عن نقطة الوسط هي:

Aaa = متوسط أثر الجين A + متوسط أثر الجين a

$$A_{Aa} = 1.6 + (-2.4) = -0.8 \text{ unit}$$

والقيمة التربوية للتركيب الوراثي aa كانحراف عن نقطة الوسط هي:

A_{aa} = ٢ (متوسط أثر الجين a)

$$A_{aa} = 2(-2.4) = -4.8 \text{ unit}$$

كما أن متوسط أثر إبدال الجين A محل الجين a هو:

$$A_{AA} - A_{Aa} = 3.2 - (-0.8) = 4 \text{ unit}$$

وأن متوسط أثر إبدال الجين a محل الجين A هو:

$$A_{aa} - A_{Aa} = (-4.8) - (-0.8) = -4 \text{ unit}$$

ولحساب انحراف السيادة يجب حساب القيم الوراثية للتراكيب الوراثية الثلاثة كالتالي:

القيمة الوراثية للتركيب الوراثي (AA) كانحراف عن نقطة الوسط هي:

$$G_{AA} = 2q\,(a - dp) = 2(0.4)[5 - (5)(0.6)] = 1.6 \text{ unit}$$

والقيمة الوراثية للتراكيب الوراثي (Aa) كانحراف عن نقطة الوسط هي:

$$G_{Aa} = a\,(q - p) + d(1 - 2pq) = 5(-0.2) + 5[1 - 2(0.6)(0.4)] = -1 + 2.6 = 1.6 \text{ unit}$$

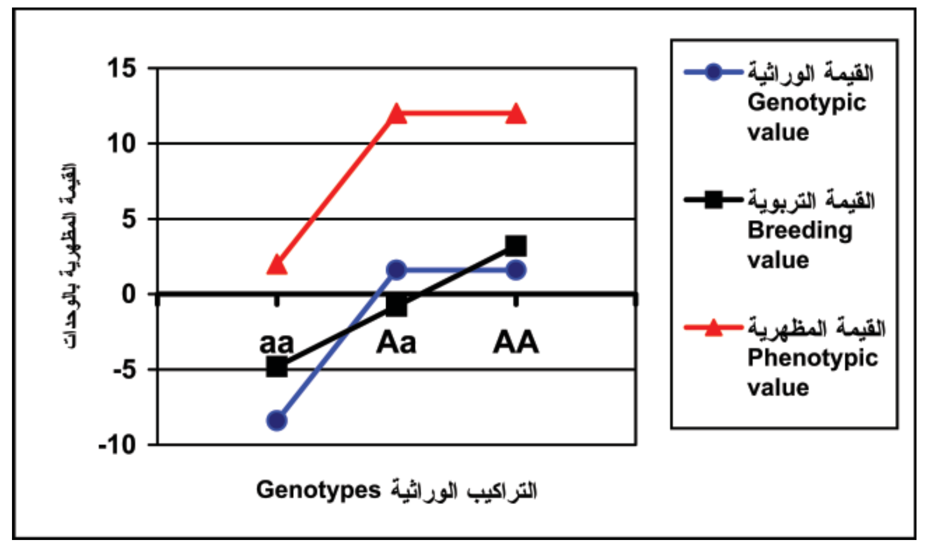
والقيمة الوراثية للتركيب الوراثي (aa) كانحراف عن نقطة الوسط هي:

$$G_{aa} = -2p\,(a + dq) = -2(0.6)[5 + (5)(0.4)] = -8.4 \text{ unit}$$

وبالتالي يمكن توضيح حساب انحرافات السيادة كانحراف عن نقطة الوسط فيما يلي:

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa
القيمة الوراثية بالوحدات Genotypic value (G)	$2q(a - dp) = 1.6$	$a(q-p) + d(1-2pq)$ $= 1.6$	$-2p\,(a+dq) = -8.4$
القيمة التربوية بالوحدات Additive value (A)	$2q\Phi = 3.2$	$(q-p)\,\Phi = -0.8$	$-2p\Phi = -4.8$
انحراف السيادة بالوحدات Dominance deviation (D)	$-2q^2d =$ -2.6	$2pqd = 2.4$	$-2p^2d$ $= -3.6$

ويوضح الشكل رقم (٣, ١٠) العلاقة بين القيم الوراثية والقيم التربوية وانحرافات السيادة لبيانات المثال السابق.



الشكل رقم (٣ ,١٠). العلاقة بين القيم المظهرية والقيم الوراثية والقيم التربوية وانحرافات السيادة في حالة أن يكون أثر الجين سياديا.

هذا ويمكن تقسيم التباين المظهري للتراكيب الوراثية الثلاثة إلى مكوناته وهى التباين التجمعي والتباين السيادي مع إغفال التباين البيئي كما يلي :

حساب التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة :

$$\sigma^2_A = \sum F\,(A - \overline{P})^2$$

وبما أن A هي القيمة التربوية لكل تركيب وراثي، ومن ثم فإن التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون :

$$\sigma^2_A = F_{AA}\,(A_{AA} - \overline{P})^2 + F_{Aa}\,(A_{Aa} - \overline{P})^2 + F_{aa}\,(A_{aa} - \overline{P})^2$$

حساب التباين السيادي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة :

$$\sigma^2_D = \sum F\,(P - A)^2$$

ومن ثم فإن التباين السيادي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون :

$$\sigma^2_D = F_{AA}\,(P_{AA} - A_{AA})^2 + F_{Aa}\,(P_{Aa} - A_{Aa})^2 + F_{aa}\,(P_{aa} - A_{aa})^2$$

هذا ويمكن تمثيل ما سبق فيما يلي :

التركيب الوراثي	التكرار (F)	القيمة المظهرية بالوحدات (P)	القيمة التربوية بالوحدات (A)	F x P	التباين المظهري $F(P-\bar{P})^2$	التباين التجمعي $F(A-P)^2$	التباين السيادي $F(P-A)^2$
AA	0.36	12	13.6	4.32	0.9216	3.6864	0.9216
Aa	0.48	12	9.6	5.76	1.2288	0.3072	2.7648
aa	0.16	2	5.6	0.32	11.2896	3.6864	2.0736
Total	1.0			$\bar{P}=\frac{\Sigma P}{\Sigma F}=$ 10.4 unit	$\sigma_P^2=\Sigma F(P-\bar{P})^2=$ 13.44 unit²	$\sigma_A^2=\Sigma F(A-\bar{P})^2=$ 7.68 unit²	$\sigma_D^2=5.76$ unit²

وباستخدام أسلوب Falconer يمكن حساب التباين التجمعي والسيادي بالعشيرة كالتالي :

$$\sigma^2_A = 2pq[a+d(q-p)]^2 = 2(0.6)(0.4)[5+5(0.4-0.6)]^2 = 0.48(16) = 7.68 \text{ unit}^2$$

$$\sigma^2_D = [2dpq]^2 = [2(5)(0.6)(0.4)]^2 = 5.76 \text{ unit}^2$$

وهي نفس النتيجة المتحصل عليها في الجدول السابق.

(٢, ٧, ١٠) مثال محلول رقم (٢) لتقدير بعض المقاييس الوراثية بالعشيرة في حالة وجود

تربية داخلية وأثر الجين تجمعيا أو سياديا

عند حصر قطيع مكون من ٣٠٠٠ حيوان وجدت به الأعداد التالية :

التراكيب الوراثية	AA	Aa	aa	Total
أعداد الحيوانات	1368	864	768	3000
تكرارات التراكيب الوراثية بعد حدوث التربية الداخلية	0.456	0.288	0.256	1.0
القيم المظهرية للتراكيب الوراثية بالوحدات في حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا	12	7	2	
القيم المظهرية للتراكيب الوراثية بالوحدات في حالة أن يكون الجين A سائد سيادة تامة علي a	12	12	2	

فما هي قيمة F إذا علمت أن التربية الداخلية قد تم ممارستها في هذا القطيع ؟

الحل

نقطة الوسط = (١٢ + ٢) ÷ ٢ = ٧ وحدة

قيمة a (أي مقدار انحراف AA عن نقطة الوسط) = ١٢ – ٧ = ٥ وحدة

قيمة d (أي مقدار انحرافAa عن نقطة الوسط) = ١٢ – ٧ = ٥ وحدة

أ) حالة أن يكون أثر الجين تجمعيا (غياب السيادة)

تكرار الجين في القطيع بعد ممارسة التربية الداخلية هو :

$$p= [0.456 + ½(0.288)] = 0.6$$

$$\therefore q= 0.4$$

وبما أن تكرار التركيب AA بعد حدوث التربية الداخلية يكون :

$$p^2 + Fpq \quad = 0.456$$

$$\therefore (0.6)^2 + F(0.6)\,(0.4) = 0.456$$

$$\therefore 0.456 = 0.36 + F(0.24)$$

$$\therefore F = (0.456 - 0.36) / 0.24 = 0.4$$

ونظراً لأن قيمة F لا تساوي صفراً فلذلك قد تم ممارسة التربية الداخلية في

هذا القطيع. وفي المثال السابق وجد أن التربية الداخلية لا تؤثر في متوسط أثر الجين ومتوسط أثر إبدال الجين (Φ) وكذلك لا تؤثر في القيم الوراثية والقيم التربوية للتراكيب الوراثية. ويلاحظ هنا أيضا أن انحرافات السيادة تساوي صفراً لأن قيمة d = صفر (غياب السيادة) ومن ثم فإن القيمة الوراثية تساوي القيمة التربوية. وفي هذه الحالة فإن الجينات يقال عليها جينات تجمعية Additive genes أو تفعل تجمعيا Act additively .

ومن ثم فإن التباين الوراثي الكلي في حالة حدوث التربية الداخلية يكون:

$$\therefore\ \sigma^2_G = 2pq\,a^2\ (1+F) = 2(0.6)(0.4)(5)^2(1 + 0.4) = 16.8 \text{ unit}^2$$

وأن التباين الوراثي التجمعي في حالة حدوث التربية الداخلية يكون :

$$\sigma^2_A = 2pqa^2 = 2(0.6)(0.4)(5)^2 = 12 \text{ unit}^2$$

هذا ويمكن حساب التباين التجمعي في حالة عدم وجود التباين السيادي ومع إغفال التباين البيئي كما يلي:

$$\boldsymbol{\sigma^2_A = \sum F\,(A - \overline{P})^2}$$

وبما أن A هي القيمة التربوية لكل تركيب وراثي، ومن ثم فإن التباين التجمعي للتراكيب الوراثية الثلاثة مجتمعة يكون :

$$\boldsymbol{\sigma^2_A = F_{AA}(A_{AA} - \overline{P})^2 + F_{Aa}(A_{Aa} - \overline{P})2 + F_{aa}(A_{aa} - \overline{P})_2}$$

هذا ويمكن تمثيل ما سبق فيما يلي:

التركيب الوراثي	التكرار (F)	القيمة المظهرية بالوحدات (P)	القيمة التربوية بالوحدات (A)	F x P	التباين المظهري $F(P-\overline{P})^2$	التباين التجمعي $F(A-\overline{P})^2$
AA	0.36	12	12	4.32	5.76	5.76
Aa	0.48	7	7	3.36	0.48	0.48
aa	0.16	2	2	0.32	5.76	5.76
Total	1.0			$\overline{P} = \frac{\Sigma FP}{\Sigma F}$ =8.0 unit	$\sigma^2_P = \Sigma F(P - \overline{P})^2 =$ 12.0 unit²	$\sigma^2_A = \Sigma F(A - \overline{P})^2 =$ 12.0 unit²

يلاحظ من هذا الجدول ما يلي :

١- يزداد تكرار التراكيب الوراثية النقية وينخفض تكرار التراكيب الوراثية الخليطة.

٢- لا يتغير تكرار الجين وبالتالي فإنه يتساوي في حالة وجود أو عدم وجود التربية الداخلية.

٣- يبقى متوسط أثر الجين ومتوسط أثر إبدال الجين (Φ) وكذلك القيم الوراثية والقيم التربوية للتراكيب الوراثية ثابتة لا تتغير جيل بعد جيل من اتباع التربية الداخلية.

٤- لا يتأثر متوسط الصفة بالعشيرة باتباع التربية الداخلية.

٥- يزداد التباين الوراثي الكلي باتباع التربية الداخلية في العشيرة.

ب) حالة أن يكون أثر الجين سياديا

هذا ويمكن تقسيم التباين المظهري إلى مكوناته وهى التباين التجمعي والتباين السيادي مع إغفال التباين البيئي كما يلي :

التركيب الوراثي	التكرار (F)	القيمة المظهرية بالوحدات (P)	القيمة التربوية بالوحدات (A)	F x P	التباين المظهري $F(P-\overline{P})^2$	التباين التجمعي $F(A-\overline{P})^2$	التباين السيادي $F(P-A)^2$
AA	0.36	12	13.6	4.32	0.9216	3.6864	0.9216
Aa	0.48	12	9.6	5.76	1.2288	0.3072	2.7648
aa	0.16	2	5.6	0.32	11.2896	3.6864	2.0736
Total	1.0			$\overline{P}=\frac{\Sigma FP}{\Sigma F}$ = 10.4 unit	$\sigma_P^2=\Sigma F(P-\overline{P})^2=$ 13.44 unit²	$\sigma_A^2=\Sigma F(A-\overline{P})^2=$ 7.68 unit²	σ^2_D = 5.76 unit²

وعند اتباع التربية الداخلية يزداد التباين الوراثي الكلي بالعشيرة كما هو موضح

من ناتج المعادلة التالية :

$$\sigma^2_G = 2pq\, a^2\ (1+F) = 2(0.6)(0.4)(5)^2(1+0.4) = 16.8 \text{ unit}^2$$

تمارين للحل :

١ – إذا علمت البيانات التالية لصفة ما في عشيرة ما تتزاوج عشوائيا :

التركيب الو راثي	A_2A_2	A_1A_2	A_1A_1
عدد الحيوانات	١٠٠	٥٠٠	٤٠٠
قيمة التركيب الو راثي	١٠	١٥	٢٠

فحدد نوع السيادة ثم احسب متوسط أثر الجين A_2 فقط والقيمة التربوية للتركيب الوراثي A_1A_1 فقط. وإذا فرض اتباع التربية الداخلية في هذه العشيرة حيث كانت F = ٠,٦ فما هو تكرار التراكيب الو راثية والتكرار الجيني بعد اتباع التربية الداخلية في العشيرة؟

٢– ما هو تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني في الجيل الأول الناتج من تلقيح هاتين العشيرتين اللتان يحكمهما زوج واحد من الجينات الجسمية :

التركيب الوراثي	A_2A_2	A_1A_2	A_1A_1
عدد أفراد عشيرة الذكور	١٠٠	١٥٠	٢٥٠
عدد أفراد عشيرة الإناث	٣٠٠	٣٥٠	٣٥٠

ثم اختبر الإتزان لعشيرة الذكور فقط. وإذا فرض أن شده الانتخاب ضد التراكيب الوراثية المتنحية A_2A_2 في عشيرة الذكور هو ٠,٢ وأن A_1 سائدة سيادة تامة على A_2 فما هو تكرار الجين ومعدل التغير في تكرار الجين بعد جيل واحد من الانتخاب؟ وإذا فرض اتباع التربية الداخلية في نسل الجيل الأول حيث كانت F = ٠,٤ فما هو تكرار التراكيب الوراثية والتكرار الجيني بعد جيل واحد من اتباع التربية الداخلية في العشيرة الناتجة ؟

الفصل الحادي عشر

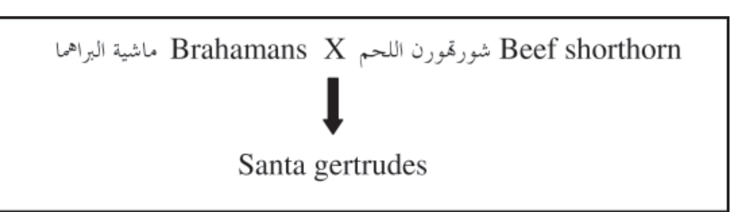
خلط السلالات ونظرية قوة الهجين وتقدير المكونات الوراثية في الأفراد الناتجة عن الخلط

(١١ , ١) أغراض (أهداف) الخلط بين السلالات

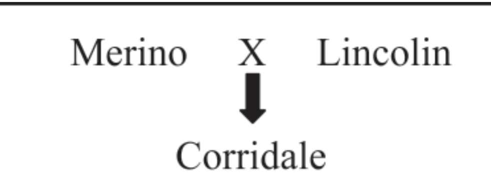
اُستخدم الخلط بين السلالات كأحد أنماط التربية الخارجية خلال العقود الماضية ولا يزال يستخدم على نطاق واسع في ماشية اللبن واللحم والأغنام والخنازير والدواجن والأرانب وذلك لغرضين أساسين هما:

(١١ , ١ ,١) تكوين سلالات جديدة مركبة من نسب معينة بين سلالتين أو أكثر:

هناك أمثلة عديدة من خلط السلالات لتكوين سلالات جديدة. وقد استخدم الخلط بين السلالات في تكوين كثير من سلالات الماشية والأغنام حيث كان يجرى الخلط بين السلالات ثم انتخاب الأفراد التي تحمل الصفات الجيدة من النسل الناتج ثم إتباع التربية الداخلية مع الانتخاب للصفات المرغوبة. فماشية السنتاجيرترودس Santa Gertrudes نتجت من خلط ماشية البراهما مع ماشية شورتهورن اللحم :



وكذلك الخلط بين أغنام المارينو وأغنام اللينكولن لإنتاج أغنام الكوريدال Corridale.

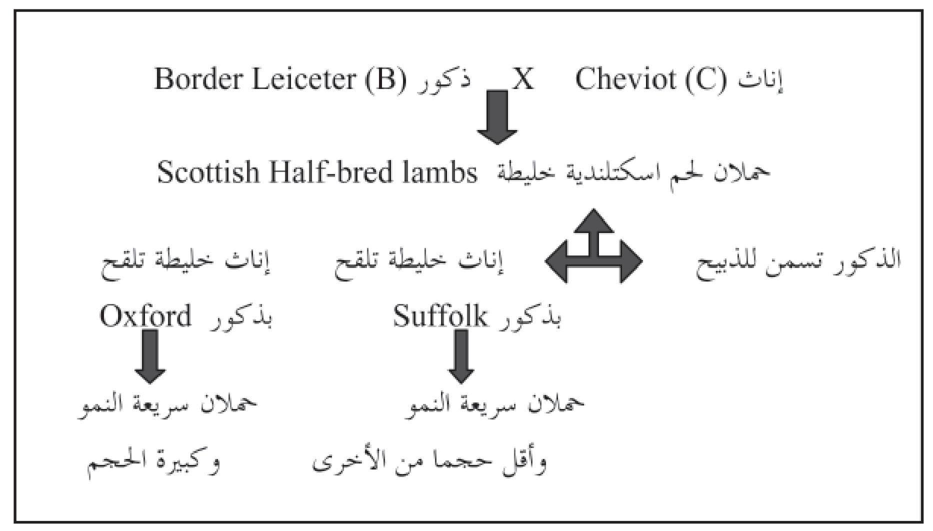


وعند تكوين السلالات الجديدة يلجأ دائما المربين إلى استخدام الانتخاب حتى يتسنى استمرار التحسين في السلالة المتكونة.

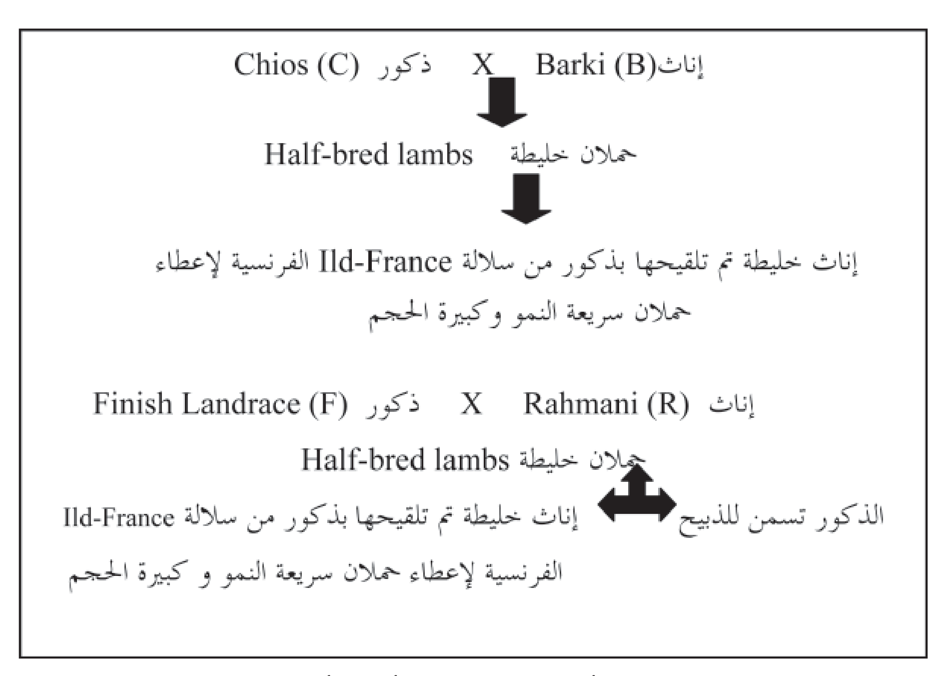
(١١,١,٢) إنتاج حيوانات لحم للتسويق

من أشهر عمليات الخلط التي تحدث لهذا الغرض هي تلك التي تم ممارستها في اسكتلندا وشمال إنجلترا حيث استعملت كباش البوردر ليسستر Border (B) Leiceter مع نعاج الشيفوت Cheviot (C) لإنتاج حملان لحم اسكتلندية خليطة والمسماة Scottish Half-bred الشكل رقم (١ , ١١).

وفي المنطقة العربية بمصر تم تلقيح نعاج البرقي العربية مع كباش الكيوس القبرصية وكذلك خلط أغنام الرحماني المصرية مع سلالة Finish landrace الفنلندية الشكل رقم (٢ , ١١).



الشكل رقم (١١, ١). برنامج خلط كباش البوردرليستر مع نعاج الشيفوت لإنتاج حيوانات لحم للتسويق في اسكتلندا وشمال إنجلترا.



الشكل رقم (١١, ٢). برامج خلط الأغنام المحلية بمصر بالأغنام الأجنبية لإنتاج حيوانات للتسويق.

(١١,٢) مفهوم وتفسير قوة الهجين (قوة الخلط)
Concept of Heterosis

يمكن تعريف قوة الخلط بأنها التحسين في مستوى أداء الحيوان وإنتاجه عن مستوى متوسط أبويه عندما يكونان متباعدين وراثيا، أي أن يكون كل منهما من عشيرة لا تتزاوج مع عشيرة الأب الأخر. ولتفسير مفهوم قوة الهجين توجد عدة تفسيرات تفسر ظهور قوة الهجين عند الخلط بين السلالات نذكر منها :

(١١,٢,١) قوة الهجين الناتجة عن حالات فوق السيادة Over-dominance case

هذا التفسير أشار إليه Lush (Lush, 1958)، Sheriden (Sheriden, 1981) والذي يعتمد على أن كل جين له تأثيرات مختلفة صغيرة وأن معظم هذه التأثيرات المرغوب فيها سائدة وبجمع هذه التأثيرات وتحديد محصلة هذا الجين نلاحظ أن هناك حالة فوق سيادة Over-dominance في هذا الموقع أي أن الفرد الخليط Aa مثلا يكون مرغوباً فيه أكثر من كل من AA، aaوعليه فإن التزاوج بين فردين أحداهما جيناته سائدة أصيلة والأخر جيناته متنحية أصيلة تنتج أفراداً خليطة تفوق أي من الأبوين في مظهر صفاتها . ويوضح الشكل التالي هذا التفسير :

الآباء Parents :

$$\frac{ABCDE}{ABCDE} \times \frac{abcde}{abcde}$$

النسل F_1 :

$$\frac{ABCDE}{abcde}$$

ولتحقيق أقصى إفادة تبعاً لتفسير هذه النظرية فإنه يجب أن تكون الأفراد مرباة تربية داخلية لتكون على درجة عالية من النقاوة Purity ويتم تزاوجها مع مجموعات أخرى مرباة تربية داخلية أيضا بحيث يكون أحد الأبوين متماثلاً وسائداً Homozygous dominant والآخر متماثل متنحي Homozygous-recessive للحصول على أفراد خليطة. ويستلزم ذلك أيضا الاحتفاظ بالأفراد المتماثلة بصفة دائمة لإنتاج الأفراد الخليطة.

(٢, ٢, ١١) قوة الهجين الناتجة عن حالات السيادة التامة Complete Dominance

يعتمد هذا التفسير على أن الجينات المسئولة عن المظهر المرغوب للصفات هي جينات سائدة سيادة تامة Completely Dominant genes على أليلاتها وأنه عندما يحدث التزاوج فإن الجينات السائدة المرغوب فيها في كل من الفردين تسود على الجينات المتنحية غير المرغوب فيها وينتج عن ذلك فرد يحمل جينات مرغوبا فيها على الأقل في معظم مواقع جيناته. ويوضح الشكل التالي هذا التفسير :

الآباء :

$$\frac{AbCDeF}{AbCDeF} \times \frac{aBcdEf}{aBcdEf}$$

النسل :

$$\frac{aBcdEf}{AbCDeF}$$

فإذا فرض أن الجينات السائدة هي المرغوب فيها فإن تلقيح الفرد الأول بالفرد الثاني ينتج عنه جيل أول أفضل إنتاجا من الأبوين؛ لأنه يحمل جيناً سائدا على الأقل في كل من مواقع جيناته وتبعاً لتفسير هذه النظرية فإنه يجرى الانتخاب وتثبت جميع الجينات المرغوب فيها باتباع التربية الداخلية لإنتاج طرز يتم انتخاب الجيد منها ويعاد خلطها ثم تربى الأفراد الناتجة تربية داخلية لإنتاج طرز جديدة ينتخب منها لإعادة خلطها وهكذا حتى يتم الوصول نظريا إلى طراز به أغلب الجينات المرغوبة والمتماثلة ذات تركيب وراثي :

$$\frac{ABCDEF}{ABCDEF}$$

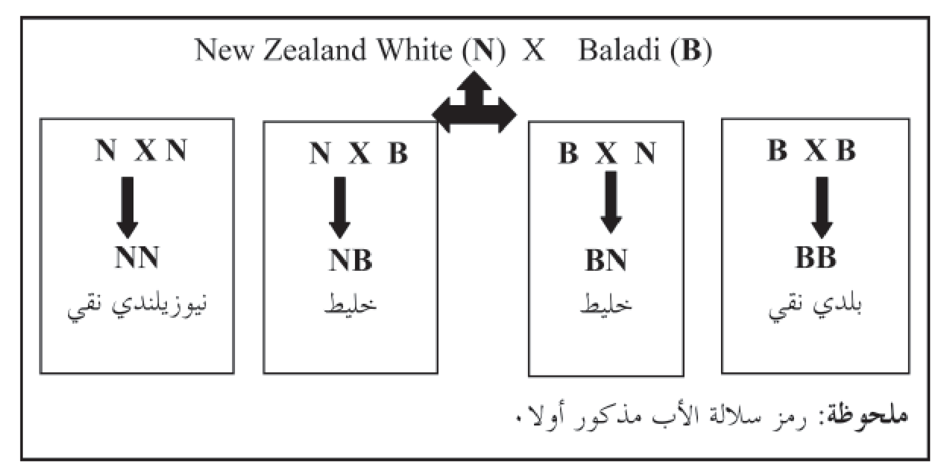
ولكن هذا الطراز يستحيل الوصول إليه فعليا في الأفراد ما دام عدد الجينات يصل إلى عدد كبير.

(١١,٣) نظم خلط السلالات Crossbreeding Systems

في خلط السلالات يتم التزاوج بين أفراد من سلالات مختلفة مثل تلقيح أنثى من سلالة ما بذكر من سلالة أخرى. وأهم هذه النظم ما يلي :

(١١,٣,١) الخلط البسيط Simple Crossing

هذا النوع من الخلط بين السلالات تكون الآباء فيه نقية والأبناء خليطة. وفي هذا النوع من الخلط تقسم الإناث إلى قسمين : أحدهما يتزاوج مع طلوقة من سلالة أخرى، والقسم الآخر يتزاوج مع طلوقة من نفس السلالة لإنتاج الإناث والذكور اللازمة لاستبدال الحيوانات النقية التي تستبعد من القطيع. ولتوضيح هذا النوع من الخلط البسيط يشار هنا على سبيل المثال الخلط المتبع بين سلالتين من الأرانب هما النيوزيلندي والبلدي في المنطقة العربية الشكل رقم (١١,٣).

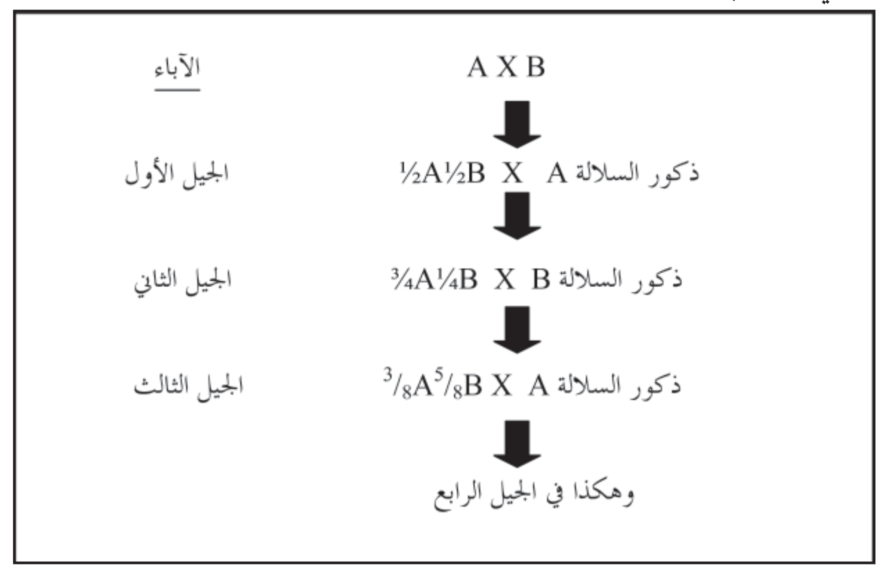


الشكل رقم (١١,٣). الخلط البسيط بين سلالتين من الأرانب النيوزلندي والبلدي في المنطقة العربية.

(١١,٣,٢) الخلط الدوري Rotational Crossing

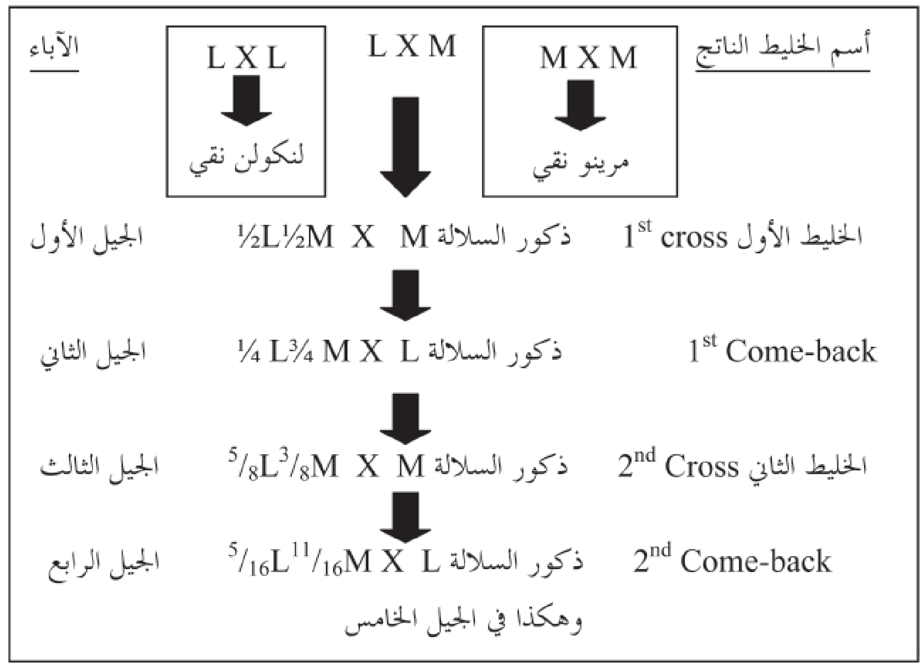
في هذا النظام من الخلط يكون أحد الأبوين نقيا ودائما تكون الأمهات خليطة والذكور نقية للاستفادة من ظاهرة قوة الهجين في صفات الأمومة (البيئة التي توفرها الأم لأبنائها خلال فترة الحمل وكمية اللبن التي تعطيها الأم خلال فترة الرضاعة) والتي تسمى تأثير الأمومة والمقدرة الأمية Maternal effect and mothering ability. وقد

يمارس الخلط الدوري بين سلالتين فقط ويسمى في هذه الحالة بالخلط الدوري المتناوب Criss-crossing وأحيانا يفسر بالوراثة التصالبية. ويوضح الشكل رقم (٤ , ١١) الخلط الدوري المتناوب بين سلالاتين.



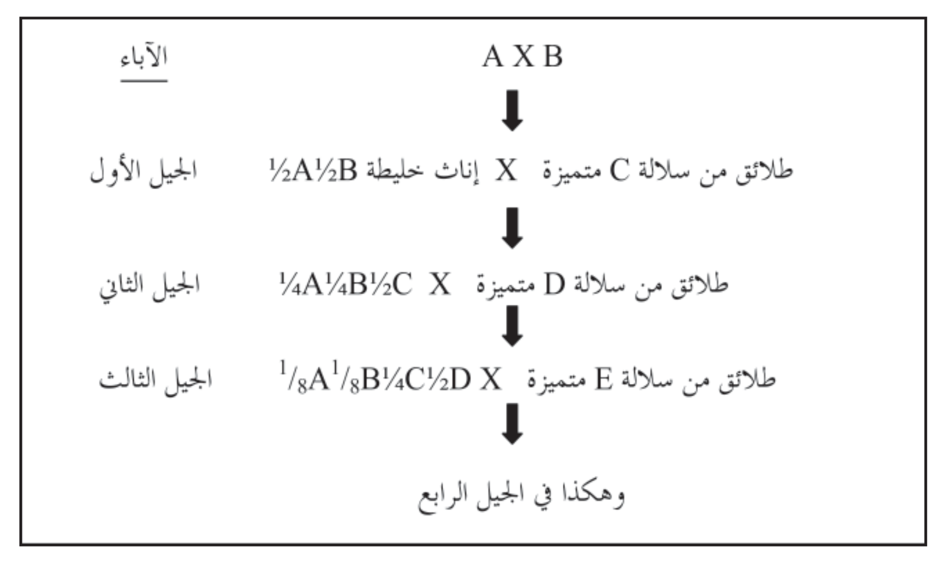
الشكل رقم (٤ , ١١). الخلط الدوري المتناوب بين سلالتين والنسب الوراثية الناتجة منه.

وبعد أجيال قليلة من الخلط المتناوب بين سلالتين (في الجيل الرابع تقريبا) تصل نسبة إحدى السلالتين إلى الأخرى في الخليط الناتج إلى ١/٣ : ٢/٣ ثم تتحول إلى ٢/٣ : ١/٣ في الجيل التالي له ثم إلى ١/٣ : ٢/٣ وهكذا. وتكون قوة الخلط هي ٦٧٪ من الحد الأقصى الذي يمكن تحقيقه في الجيل الأول F_1. وقد أشار جلال وكرم ١٩٨٤م إلى مثال من الخلط المتناوب حدث في استراليا بين سلالتين من الأغنام هما المرينو (**M**) واللنكولن (**L**) المعروف باسم Come-back الشكل رقم (٥ , ١١). وقد اتبع هذا الخلط ليوفر الطلب على اللحم والصوف باستراليا وليس الغرض منه إنتاج سلالة متوسطة بين السلالتين ولكنه يسمح بإنتاج محصولين متجانسين. وتم ممارسة هذا النظام من الخلط في قطعان حجمها ١٠٠٠٠ نعجة نصفها خليط ثان 2nd Cross، والنصف الآخر مقسم إلى جزأين متساويين من السلالتين النقيتين لإنتاج الكباش التي تستخدم في الخلط أساسا.



الشكل رقم (٥ ,١١). الخلط الدوري المتناوب بين سلالتين من الأغنام لإنتاج أغنام اللحم والصوف في استراليا.

وقد يحدث أن يمارس الخلط الدوري بين ثلاثة سلالات أو أكثر حيث لا يوجد حد لعدد السلالات التي يمكن استخدامها ولكن ذلك مرتبط بالظروف الاقتصادية ويوضح الشكل رقم (٦ ,١١) الخلط الدوري باستخدام ثلاثة سلالات. وقد يستخدم في الخلط سلالات مختلفة من الطلائق بالتناوب. والخلط المتناوب بين ثلاثة سلالات شائع في الخنازير والأرانب والذي يتم فيه استخدام سلالات للطلائق متميزة وذلك للحصول على تراكيب متباينة وراثيا والتي عن طريق الانتخاب منها نحصل على سلالات جديدة. وطبقا لظروف منطقتنا العربية فإنه يفضل الخلط الدوري بين عدة سلالات إحداها السلالة المحلية حتى يتسنى الحصول على أكبر قدر من قوة الهجين.

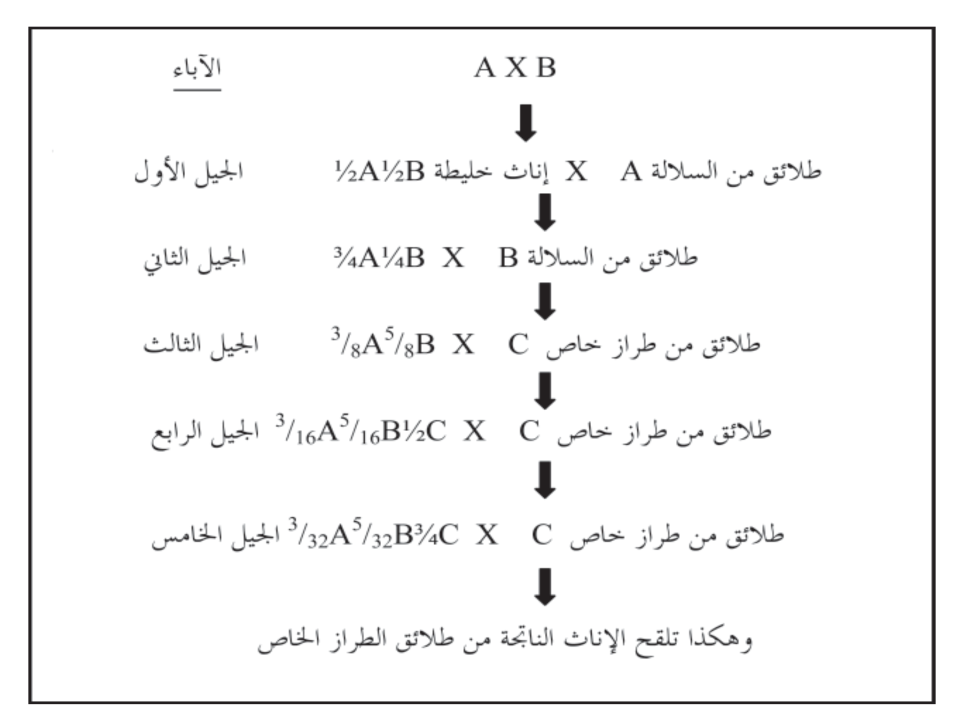


الشكل رقم (٦ , ١١). الخلط الدوري المتناوب بين ثلاثة سلالات للحصول على سلالات جديدة.

وقد جرت العادة في ممارسة الخلط الدوري أن تكون الأمهات خليطه والآباء نقية إلا أنه في بعض الحالات تم استخدام آباء خليطه بنجاح في هذا النظام من الخلط. ويتيح الخلط الدوري فرصه أكبر لاستغلال قوة الخلط ولكن في معظم الأحيان يجب اختيار السلالات بعناية وأن تكون متقاربة في صفاتها خصوصا في الماشية حتى لا يتذبذب مستوى ونوعيه الإنتاج من جيل إلى آخر على عكس ما قيل عن الحالة في الأغنام. وأيضا فإنه في الماشية غالبا ما تتداخل الأجيال بالنسبة للزمن فيصعب تحديد احتياجات وغاية كل تركيب وراثي على حده أو قد يحدث عسر ولادة نتيجة اختلاف الحجم بين الذكور والإناث.

(٣ , ٣ , ١١) الخلط الدوري مع طلوقة نهائي Rotational-terminal sire system

وهذا الخلط يجمع في طياته مزايا استخدام التباين التجمعي بين السلالات بالخلط مع طلوقة نهائي للاستفادة من الدرجة الكبيرة من قوة الخلط الناجمة عن الخلط الدوري وذلك بأن تكون الأنثى نتاج الخلط الدوري بينما يكون هناك طرز خاص للطلوقة Terminal sire line منتخب لكفاءة النمو وصفات الذبيحة. ولكن مثل هذا النظام يحتاج إلى إمكانيات ممتازة وتنظيم جيد. و يوضح الشكل رقم (٧ , ١١) الخلط الدوري مع طلوقة نهائي.



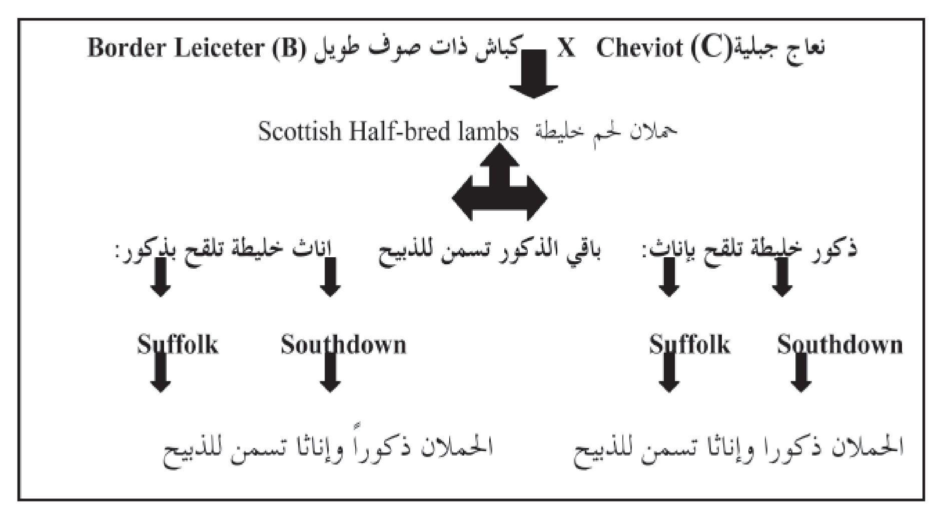
الشكل رقم (١١,٧). الخلط الدوري مع طلوقة نهائي للاستفادة من التباين التجمعي للسلالات من خلال الخلط مع طلوقة من طراز خاص في المراحل الأخيرة من برنامج الخلط.

(١١,٣,٤) خلط السلالات عندما يكون أحد الأبوين أو كليهما خليطا

يفضل في هذا النظام من خلط السلالات بأن تكون الآباء أو الأمهات أو كلاهما خليطة. وفي هذا النظام يوجد ثلاث حالات هي :

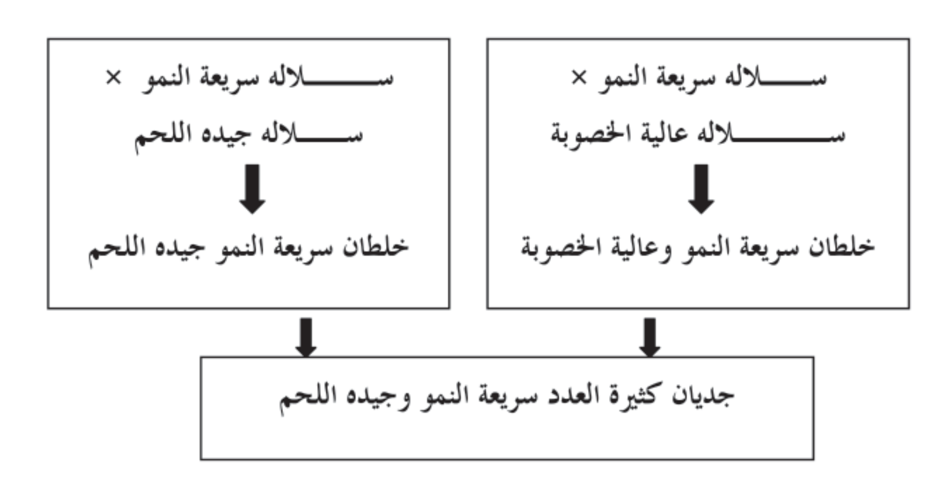
١ – أن تكون الأم هي الخليطة للاستفادة من قوة الخط الأمية Maternal heterosis بجانب كونها خليطة من عدة سـلالات تجمع ميزاتها في فرد واحد. وبتلقيح هذه الأم الخليطة مع أب نقي ينتج أفراداً خليطة ناتجة من ثلاث سـلالات على الأقل وهذه السلالات منتقاة لتتجمع مزاياها جميعا في الأفراد النتاج الخليطة بجانب قوه الخلط المتوقعة في هذا النتاج. والنظام المتبع في خلط الأغنام باسكتلندا وشمال إنجلترا هو من أمثله ذلك النظام من الخلط كما موضح في الشكل رقم (١١,٨).

٢- أن يكون الأب هو الخليط وذلك للاستفادة من قوة الخلط الأبوية Paternal heterosis كما هو موضح في الشكل (٨ , ١١).



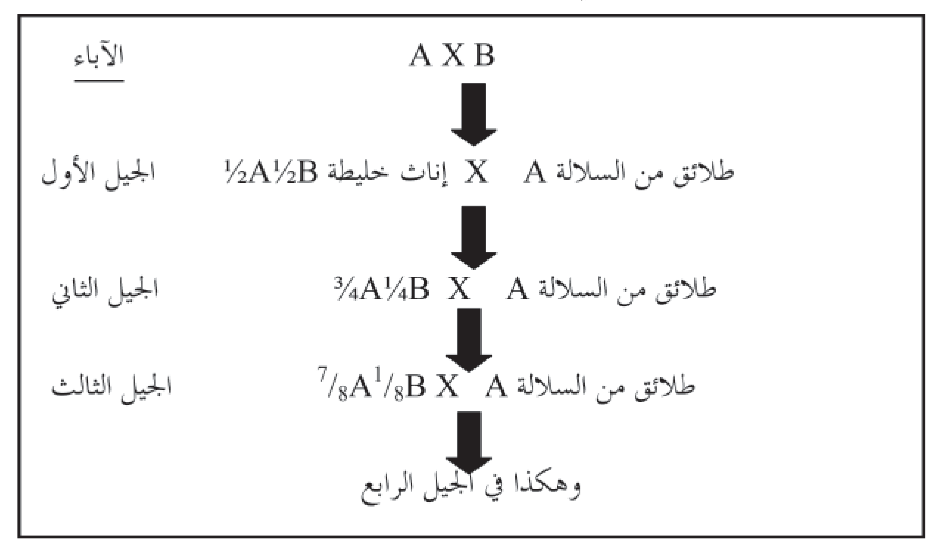
الشكل رقم (٨ , ١١). خلط السلالات المتبع في اسكتلندا وشمال إنجلترا للاستفادة من قوة الخط الأمية أو الأبوية عندما يكون أحد الأبوين أو كليهما خليطاً.

٣- أن يكون كلا الأبوين خليطين وذلك للاستفادة من قوة الخط الأمية والأبوية معا. ويتبع ذلك النوع من الخلط إذا كان الخليط المطلوب يتكون من أكثر من ثلاث سلالات. وينفذ هذا النظام في الإنتاج التجاري المكثف للأغنام والماعز والأرانب ويعتمد على زيادة عدد المواليد الناتجة. ولإيضاح هذا النظام يذكر على سبيل المثال نظام الخلط في الماعز المتبع في معظم بلدان العالم حيث تخلط سلالات سريعة النمو مع أخرى عالية الخصوبة لإنتاج العنزات بينما تنتج التيوس من خلط سلالات سريعة النمو مع سلالات جيده اللحم. وخلط التيوس هذه مع العنزات السابقات الذكر ينتج جديان كثيرة العدد وسريعة النمو وجيده اللحم كما هو موضح في التخطيط اللاحق. هذا ويمكن أن تدخل الطرز Lines أو العترات Strains في الخلط بدلا من استخدام سلالات. وتعتبر الخلطات الناتجة ومكوناتها من أسرار الشركة أو المؤسسة المنتجة لها كما هو حادث في إنتاج هجن الدجاج البياض ودجاج اللحم وهجن الأرانب.



(١١,٣,٤) الخلط الرجعى Back Crossing

وفي هذا النظام من الخلط تلقح إناث الجيل الأول الخليطة بذكور أحد السـلالتين المستخدمة كآباء كما هو موضح بالشكل رقم (١١,٩). وفي هذه الحالة يستفاد من قوة الخلط الموجودة في الأمهات لتنشئة نتاجها.



الشكل رقم (١١,٩). الخلط الرجعي للإناث الخليطة مع ذكور أحد الأبوين للاستفادة من قوة الخط الأمية.

(٥ , ٣ , ١١) التـدريج Grading

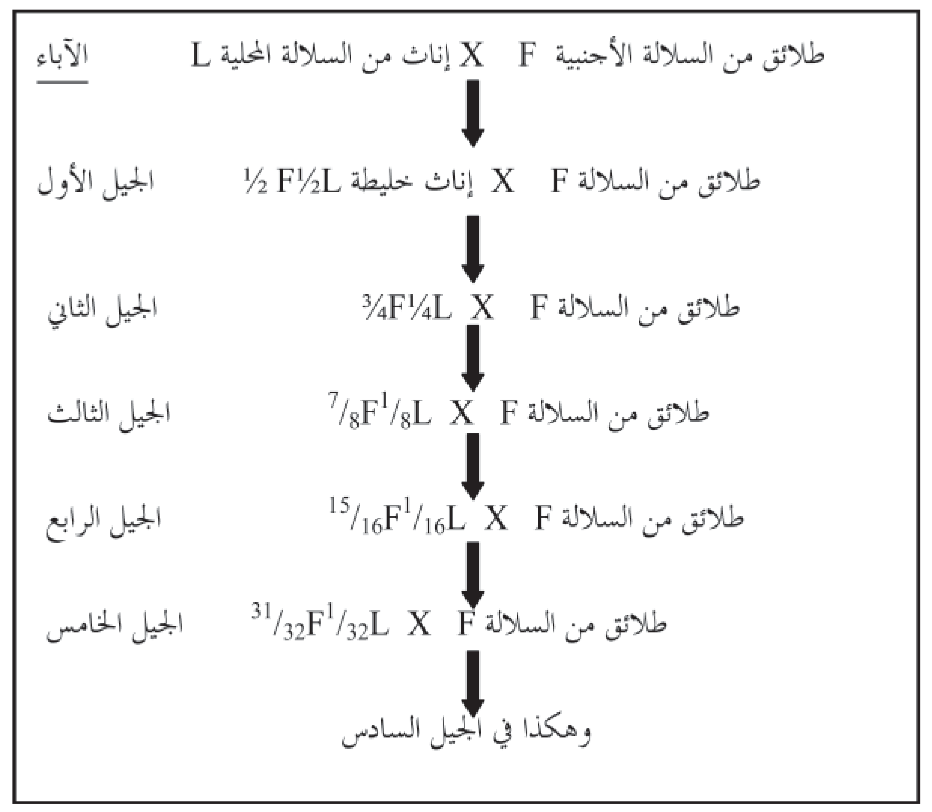
١ - مفهوم التدريج

يستخدم هذا النوع من الخلط في حالة الرغبة في تحسين السلالات المحلية من الحيوانات الزراعية مثل الماشية والأغنام والماعز.. إلخ. ويمكن تعريف التدريج بأنه إدخال جينات جديدة في مجموعة من الحيوانات مع زيادة نسبة هذه الجينات جيلا بعد جيل. ويستفاد من التدريج بدرجة كبيرة من خلال استخدام طلائق ممتازة من نفس السلالة أو من سلاله أخرى. والتدريج الشائع هو تدريج السلالات المحلية بطلائق أصيلة من سـلالات مستوردة متميزة. لذا يمارس التدريج هذا بتلقيح إناث السلالة المحلية بطلائق أصيلة من السلالة المستوردة جيلا بعد جيل. ويلاحظ في كثير من تجارب التدريج أن أكبر نسبة من التحسين تكون في الجيل الأول بينما يقل معدل التحسين بعد ذلك تدريجيا ويعزى هذا إلى انخفاض قوة الخلط من جيل إلى آخر. ويوضح الشكل رقم (١٠ , ١١) مثالا للتدريج من خلال تدريج الإناث المحلية لسلالة ما Local (L) بطلائق من سلاله أجنبية Foreign (F) مثل تدريج الأبقار المحلية بطلائق فريزيان.

٢- الغرض من التدريج (أهدافه)

أ) إدخال جينات مرغوب فيها من السلالة الأجنبية في تركيب السلالة المحلية المدرجة لزيادة إنتاجيتها.

ب) المحافظة على الجينات المرغوب فيها الموجودة بالسلالة المحلية والمتميزة بها مثل التأقلم للظروف البيئية المحلية لتصبح في تركيب الحيوانات المدرجة.

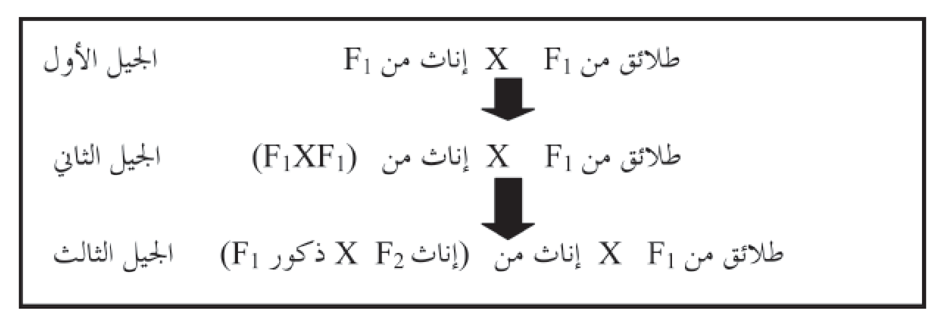


الشكل رقم (١٠ , ١١) تدريج إناث السلالات المحلية بطلائق سلالة أجنبية متميزة للاستفادة من قوة الخط الأمية وإدخال الجينات المرغوب فيها من السلالة الأجنبية في الحيوانات المحلية المدرجة.

(٦ , ٣ , ١١) نظام خلط الطلوقة الهجين المتكرر

Repeated Hybrid Male Cross System (RHMCS)

وفيه تكون الطلوقة دائما من الجيل الأول F_1 (مع غلق القطيع وانتخاب الطلائق) بينما الإناث تكون من الجيل الأول F_1 ثم $F_1 X F_2$ ثم $F_1 X (F_1XF_2)$ وهكذا على أن يتم دائما تلقيح الإناث الخليطة بذكور الجيل الأول من خلال سائلها المنوي المجمد كما يتضح ذلك من الشكل رقم (١١ , ١١).



الشكل رقم (١١ , ١١). نظام خلط الطلوقة الهجين المتكرر.

ويختلف هذا النظام من الخلط عن الخلط المتناوب في أن النتاج يحتوي على قوة خلط أقل (٦٦٪ مقابل ٥٠٪) ولكنه يحتوي على قدر أكبر من التباين (جينات خليطة) مما يسمح بالانتخاب. هذا النظام يصبح عملياً أكثر إذا ما كان الفرق بين السلالات المستخدمة (المحلي والمستورد مثلا) كبيرا وإذا كان الحيوان المستخدمة من النوع الأقل غزارة في إنتاجه للنسل مثل الأبقار والأغنام مقارنة بالدواجن والخنازير والأرانب. وهذا النظام أيضا يكون مقدمة لتكوين سلالة جديدة. ومن أمثلة السلالات التي تم تكوينها باتباع هذا النظام من الخلط ما يلي :

١- أغنام Coop worth النيوزيلندية والناتجة من خلط :

Border leciester x new zealand ramny

٢- ماشيه Zebu الأسترالية والناتجة من خلط :

Jersey x zebu

٣- ماشيه Santa Gertridis الأمريكية والناتجة من خلط:

Brahamans x shorthorn

٤- ماشيه Luing الاسكتلنديه والناتجة من خلط:

Highland cattle x shorthorn

٥- ماشيه Brangus الأمريكية والناتجة من خلط:

Brahamans x angus

(١١, ٤) تقدير قوة الخلط (قوة الهجين)

هناك عدة طرق لتقدير قوة الهجين أو الخلط Heterosis إلا أن أكثرها شيوعا تلك التي أشار إليها فالكونر في كتابه (Falconer, 1989) والتي تتمثل في :

قوة الهجين أو قوة الخلط = (متوسط أداء الأفراد الخليطة – متوسط الأداء المتوقع) / متوسط الأداء المتوقع × ١٠٠

$$Heterosis\% = \frac{Crossbred\ average - Expected\ average}{Expected\ \ average} x100 \quad .....(١١ , ١)$$

حيث إن متوسط الأداء المتوقع = النسبة الوراثية للسلالة الأولى في الخليط × متوسط أداء هذه السلالة + النسبة الوراثية للسلالة الثانية في الخليط × متوسط أداء هذه السلالة + ... النسبة الوراثية للسلالة n في الخليط × متوسط أداء هذه السلالة.

وللتبسيط يمكن أيضا تقدير قوة الهجين أو الخلط باستخدام المعادلة التالية :

قوة الهجين أو قوة الخلط = (أداء الأفراد الخليطة – [(أداء الآباء +أداء الأمهات)÷٢]) / [(أداء الآباء + أداء الأمهات)÷٢] × ١٠٠ .....(١١ , ١)

مثال محلول : نفرض أن لدينا سلالتين من الأبقار A ،B وأن متوسط وزن الميلاد في السلالة A هو ٣٠ كجم والسلالة B هو ٤٠ كجم وفي الخليط الناتج من خلط السلالتين هو ٣٨ كجم. وإذا لقح الخليط AB (أي الجيل الأول) بالسلالة A لينتج خليطا يتكون من ¼ من السلالة B ، ¾ من السلالة A وكان متوسط وزن الميلاد في هذا الخليط ٣٦ كجم.

جيل الآباء	A (30 kg) X B (40 kg)
	↓
الجيل الأول	AB (38kg) X A
	↓
الجيل الثاني	¾ A ¼ B (36 kg)

ويمكن حساب قوة الخلط في الجيل الأول والجيل الثاني كل على حدة كما هو موضح لاحقاً :

قوة الخلط في الجيل الأول هي :	قوة الخلط في الجيل الثاني هي :
$H\% = \frac{38-\left[\frac{1}{2}(30)+\frac{1}{2}(40)\right]}{\frac{1}{2}(30)+\frac{1}{2}(40)}\times 100$	$H\% = \frac{36-\left[\frac{3}{4}(30)+\frac{1}{4}(40)\right]}{\frac{3}{4}(30)+\frac{1}{4}(40)}\times 100$
$=\frac{38-35}{35}\times 100 = 8.6\%$	$=\frac{36-32.5}{32.5}\times 100 = 10.8\%$

إلا أن هذا الأسلوب لتقدير قوة الخلط ليس دقيقاً كما سيتضح فيما بعد.

ويمثل الجدول رقم (١١ ,١) بعض التقديرات لقوة الخلط أو الهجين (كنسبة مئوية) لبعض الصفات الاقتصادية في الحيوانات الزراعية المرباة بالمنطقة العربية. يلاحظ من هذه الأرقام أن الخلط بين السلالات في الحيوانات الزراعية المختلفة في المنطقة العربية صاحبه تفوق في الصفات الإنتاجية للأفراد الخليطة عن متوسط الأبوين. هذا التفوق في الصفات الإنتاجية الناتج من خلط السلالات يمكن أن يشجع المربين بالمنطقة العربية في خلط سلالاتهم المحلية الواعدة بالسلالات الأجنبية المتميزة الإنتاج.

الجدول رقم (١١,١). قوة الخلط أو الهجين كنسبة مئوية لبعض الصفات الاقتصادية في الحيوانات الزراعية المرباة بالمنطقة العربية.

الصفة	قوة الخلط ٪	الصفة	قوة الخلط ٪
الأبقار: Fahmy et al (1976), Arafa (1996), Arafa et al (1998,2000), Khalil et al (2000), Salem (1998)			
محصول اللبن	٢–٣٢	وزن الميلاد للعجل	٣–١٦
محصول الدهن	٣–١٥	وزن العجل عند الفطام	٥–١٥
كفاءة التحويل الغذائي للبن	٣–١٨	العمر عند البلوغ الجنسي	٥–١٥
الأغنام: Aboul-Naga (1970,1988), Aboul-Naga et al (1972), Galal et al (1971,1972,1975,1978,1981), El-Kouni et al (1974), Abou-Naga and El-Shobokshy (1974), Aboul-Naga and Afifi (1980), Aboul-Naga et al (1989), Al-Shennawy (1993)			
عدد الحملان المولودة لكل أنثى	٩–٢٠	وزن الذبيحة عند التسويق	١٠–٢٢
وزن الحمل عند الميلاد	٦–٢٠	وزن الجزة	١٠–١٨
نمو الحمل من الولادة للفطام	٥–٧	أوزان الجسم عند أعمار مختلفة	١٠–١٢
الماعز: El-Kimmary and Abdel-Salam (1988), Abdel-Salam et al (1994)			
عدد الجديان عند الميلاد أو الفطام	٢–١٦	أوزان الجسم عند أعمار مختلفة	٨–٢٤
الأرانب: Afifi and Khalil (1992), Afifi et al (1994), Khalil and Afifi (1994, 2000), Khalil et al (1995), Khalil (1997, 2003), Abd El-Aziz et al (2002), Khalil et al (2002a,b)			
عدد المواليد عند الميلاد	٢–٥	أوزان الجسم عند أعمار مختلفة	١٠–٢٥
عدد الأفراد عند الفطام	٥–٨	صفات الذبيحة	صفر–١٥
وزن الأفراد عند الفطام	١٠–١٢	محصول اللبن	٢–١٢,٦

(١١,٥) المكونات الوراثية في الأفراد الخليطة الناتجة من خلط السلالات

الشكل رقم (١١,١٢) يوضح المكونات الوراثية للفرد الخليط الناتج من خلط سلالاتين. طبقا للشكل رقم (١١,١٢) وبناءً على ما ورد عن (Dickerson, 1969&1992)، (Fimland, 1983) ، (Henderson, 1984) فإن المكونات الوراثية الناتجة من خلط السلالات يمكن تمثليها في :

(١١,٥,١) التأثيرات التجميعية المباشرة Direct Additive Effects في الفرد الخليط نفسه

وهي محصلة تأثيرين هما :

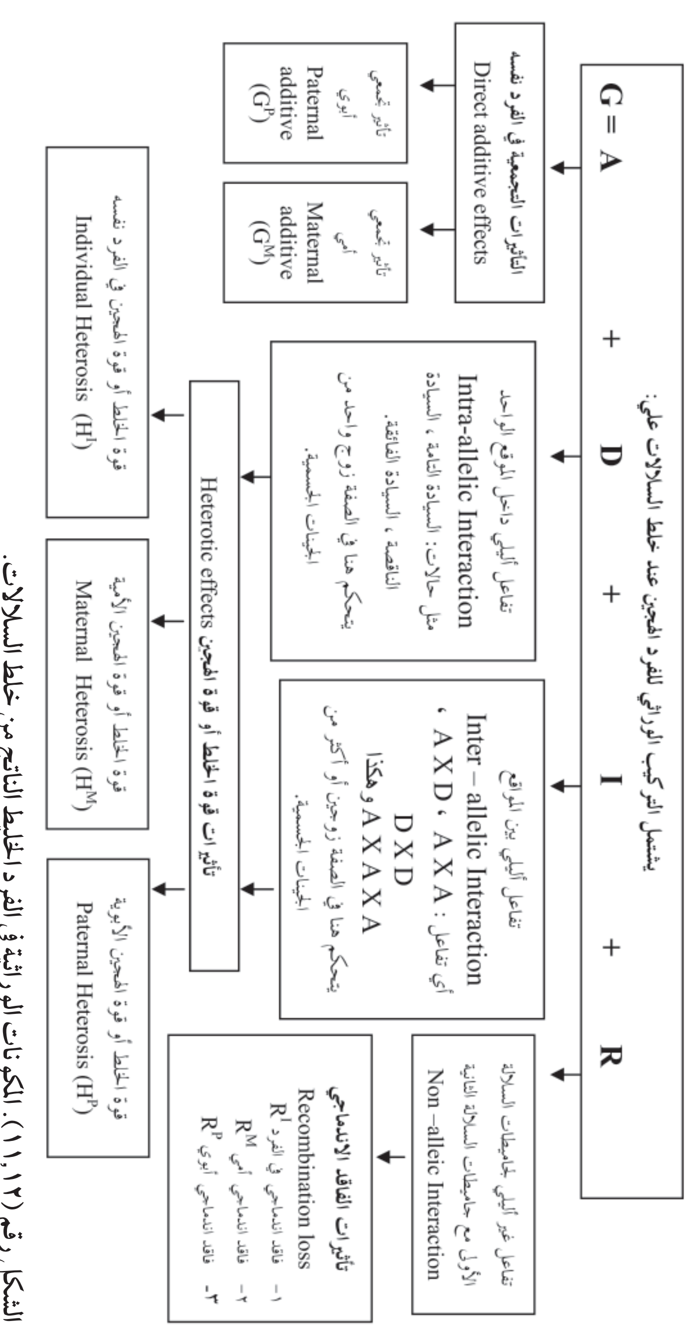
١- التأثير التجمعي الأبوي Paternal additive effect الذي ينتقل من الأب إلى الفرد الخليط. أي مساهمة الأب الوراثية في نسله وهذه تسمى بالقيمة التربوية للأب Sire breeding value .

٢- التأثير التجمعي الأمي Maternal additive effect الذي ينتقل من الأم إلى الفرد الخليط. أي مساهمة الأم الوراثية في نسلها وهذه تسمي بالقيمة التربوية للأم Dam breeding value .

(١١,٥,٢) تأثيرات قوة الخلط (أو قوة الهجين) Heterotic Effects

طبقا للمقالة التي وردت عن (Sheriden, 1981) فإن تأثيرات قوة الخلط يمكن أن تنقسم إلى :

١- قوة الخلط المباشرة في الفرد نفسه Direct individual heterosis : وهى عبارة عن مقدار التحسين في أداء الفرد بالنسبة إلى متوسط آبائه. ولا يرجع هذا التحسين إلى التأثيرات الجينية المرتبطة بالجنس Sex-linked genes effects لأي من الأب والأم ولكن التحسين يرجع هذا لاندماج الأزواج الجسمية من الجينات Pairs of somatic genes فقط.



الشكل رقم (١١,١٢). المكونات الوراثية في الفرد الخليط الناتج من خلط السلالات.

وقد أوضح (Dickerson, 1969 & 1992) أن قوة الخلط في الفرد هي عبارة عن انحراف الفرد عن متوسط الآباء Parental average والناشئ في الجيل الأول من خلط سلالتين (أي الأب **A** مع الأم **B** أو العكس) ويشتمل على أي تداخل أليلي Allelic interaction داخل الموقع الواحد أو بين المواقع المختلفة لجاميطات السلالة A مع السلالة B.

١- قوة الخلط الأبوية Paternal heterosis الناتجة من أن الأب خليط Crossbred sires.

٢- قوة الخلط الأمية Maternal heterosis الناتجة من أن الأم خليطة crossbred dams (على سبيل المثال قوة الخلط الأمية الناتجة عن زيادة في إنتاج اللبن للأم الخليطة وتحسين البيئة الرحمية لها قبل الولادة مما يسمح لها بحجم خلفة كبير في الأرانب والماعز والخنازير ... إلخ).

(٣ ,٥ ,١١) تأثيرات الفاقد الاندماجي Recombination loss effect

يعرف الفاقد الاندماجي بأنه إعادة توليف الجينات في الفرد نفسه أو في الأم الخليطة أو في الأب الخليط. وقد قام Dickerson بتعريف الفاقد الاندماجي على أنه التغير في تأثيرات التفاعلات غير الأليلية Non-allelic gene interaction في الأفراد الخليطة بالجيل الثاني مقارنة بأفراد خليطة من الجيل الأول والناتجة من إعادة التوليف الجاميطى في كروموسومات سلالات الآباء. وأحيانا يعرف بأنه مقدار الفاقد في قوة الخلط لأفراد الجيل الثاني وما يليه (الثالث والرابع...إلخ). هذا وتنقسم تأثيرات الفاقد الاندماجي إلى ثلاثة مكونات هي :

١- الفاقد الاندماجي في الفرد نفسه Individual recombination loss وهذا النمط من الفاقد يأتي في الأفراد الخليطة اعتبارا من الجيل الثاني للخلط F_2.

٢- الفاقد الاندماجي الأبوي Paternal recombination loss وهذا النمط من الفقد في قوة الخلط يأتي في الأفراد الخليطة اعتبارا من الجيل الثالث للخلط F_3.

٣- الفاقد الاندماجي الأمي Maternal recombination loss وهو الفقد في قوة الخلط الذي يأتي في الأفراد الخليطة اعتبارا من الجيل الثالث للخلط.

(٦ , ١١) تقدير معاملات المكونات الوراثية للأفراد الناتجة من خلط سلالتين

أشار (Henderson, 1984) ، (Fimland, 1983) ، (Hill, 1982) إلى تعريف المكونات الوراثية لتجارب الخلط وكذلك أهمية تقدير هذه المكونات. ومعاملات المكونات الوراثية يتم حسابها بناءً على بعض الأسس الوراثية ونظرية الاحتمالات كما سيتضح فيما يلي :

(١ , ٦ , ١١) تقدير معاملات التأثير التجمعي الأبوي (G^P) Paternal Additive Effect

يوضح الجدول رقم (٢ , ١١) معاملات التأثير التجمعي الأبوي المتوقع لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A ، B. وعند حساب التأثير التجمعي الأبوي والذي يرمز له بالرمز G^P ينظر للنسب الوراثية الموجودة في أب الفرد كما هو موضح لاحقاً :

١ – عند حساب G^P للتركيب الوراثي ½B ½A والذي نتج من تلقيح A X B تأخذ النسب الوراثية الموجودة في الأب النقي وبالتالي فإن :

G^P للسلالة A = ١، G^P للسلالة B = صفر

وكذلك يمكن حساب فإن G^P للتركيب الوراثي العكسي ½A ½B.

٢ – عند حساب G^P للتركيب الوراثي ¼B ¾A والذي نتج من التزاوج الرجعي A X ½A½B تأخذ النسب الوراثية الموجودة في الأب :

G^P للسلالة A = ١، G^P للسلالة B = صفر

كذلك يمكن حساب G^P للتركيب الوراثي ¼B¾A.

٣ – وعند حساب G^P للتركيب الوراثي ¾ A¼B والناتج من التزاوج الرجعي ½A ½B XA تأخذ النسب الوراثية الموجودة في الأب الخليط:

G^P للسلالة G^P ، A = ½ للسلالة B = ½

وكذلك فإن G^P للتركيب الوراثي ¾B ¼A يكون ½ للسلالة A، ½ للسلالة B.

٤ – عند حساب G^P للتركيب الوراثي ⅞ A⅛B والناتج من التزاوج الرجعي A X ¾A¼B فإن G^P للسلالة A = ١، G^P للسلالة B = صفر.

الجدول رقم (٢ ,١١). معاملات التأثير التجمعي الأبوي والأمي المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A ، B.

التزاوج الجيل Generation Mating	المجموعة الوراثية Breed group		التأثير التجمعي Additive (G)			
			الأبوي G^P		الأمي G^M	
	من السلالة A	من السلالة B	السلالة A	السلالة B	السلالة A	السلالة B
جيل الآباء : Paternal generation :						
A X A	1	0	1	0	1	0
B X B	0	1	0	1	0	1
خليط الجيل الأول 2-breed cross (F_1) :						
A X B	½	½	1	0	0	1
B X A	½	½	0	1	1	0
الخليط الرجعي الأول (F_2) First backcross:						
A X ½A½B	¾	¼	1	0	½	½
B X ½A½B	¼	¾	0	1	½	½
A X ½B½A	¾	¼	1	0	½	½
B X ½B½A	¼	¾	0	1	½	½
½A½B X A	¾	¼	½	½	1	0
½B½A X A	¼	¾	½	½	1	0
½A½B X B	¼	¾	½	½	0	1
½B½A X B	¼	¾	½	½	0	1
الخليط الرجعي الثاني (F_3) Second backcross:						
A X (¾A ¼ B)	⅞	⅛	1	0	¾	¼
B X (¼A ¾ B)	⅛	⅞	0	1	¼	¾
(¾A¼B) X A	⅞	⅛	¾	¼	1	0
(¼A¾B) X B	⅛	⅞	¼	¾	0	1
التلقيح البيني : Interse mating:						
½A½B X ½A½B	½	½	½	½	½	½

كذلك فإن G^P للتركيب الوراثي B ⅞ A ⅛ تكون لسلالة A = صفر وللسلالة B= ١.

وبنفس الأسلوب السابق يمكن حساب G^P للتركيب الوراثي، والناتج من التزاوج الرجعي ¾A¼B X A، التركيب الوراثي B ⅞ A ⅛، والتركيب الوراثي ½A½B، والناتج من التزاوج ½A½B X ½A½B أو الناتجة من التزاوج (½A½B X ½A½B) X ½A½B.

(١١, ٦, ٢) تقدير معاملات التأثير التجمعي الأمي (G^M) Maternal additive effect

يوضح الجدول رقم (١١, ٢) السابق معاملات التأثير التجمعي الأمي المتوقع لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A ، B. وعند حساب التأثير التجمعي الأمي والذي يرمز له بالرمز G^M ينظر للنسب الوراثية الموجودة في أم الفرد. فمثلا :

١- عند حساب G^M للتركيب الوراثي ½A½Bوالذي نتج من تلقيح A X B تأخذ النسب الوراثية الموجودة في الأم وبالتالي فإن:

G^M للسلالة A = صفر، G^M للسلالة B = ١

٢- وعند حساب G^M للتركيب الوراثي ¾A¼B والذي نتج من التلقيح الرجعي A X ½A½B تأخذ النسب الوراثية الموجودة في الأم الخليطة:

G^M للسلالة A = ½، G^M للسلالة B = ½

وهكذا عند حساب G^M للتراكيب الوراثية ¾A¼B، ¼A¾B، B ⅛ A ⅞، B ⅞ A ⅛.

(١١, ٦, ٣) تقدير معاملات قوة الخلط المباشرة Direct Heterosis (H^I) في الفرد الخليط نفسه

يوضح الجدول رقم (١١, ٣) معاملات قوة الخلط المباشرة المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A ، B. وهنا ننظر لأبوي الفرد نفسه عند تقدير قوة الخلط المباشرة والتي يرمز لها بالرمز H^I ثم تحسب الاحتمالات الممكنة كما يلي :

١- عند حساب H^I للتركيب الوراثي ½A½B والذي نتج من تلقيح A X B فإن الاحتمالات الممكنة يمكن حسابها كما يلي :

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأب = ١
احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأم = ١
وبما أن الاحتمالان مستقلان وبالتالي فإن الاحتمال الناتج هو ١ × ١ = ١
واحتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأب = صفر
احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأم = صفر
والحدثان مستقلان والاحتمال الناتج هو حاصل ضربهم : صفر × صفر = صفر
∴ نسبة الخليط تكون ١+ صفر = ١ حيث إن حدوث الاحتمال الأول ينفي حدوث الاحتمال الثاني.
كذلك فإن حساب H^I للتركيب الوراثي ½A½B تكون مثل التزاوج الوراثيA X B =١
٢- عند حساب H^I للتركيب الوراثي ¾A¼B والذي نتج من تلقيح :
½A½B X A فإن الاحتمالات الممكنة يمكن حسابها كما يلي:
احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأب = ١
احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأم = ½
والحدثان المستقلان والاحتمال الناتج هو حاصل ضرب الاحتمالان = ١ × ½= ½
احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأب = صفر
احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأم = ½
ومن ثم حاصل ضرب الاحتمالين = صفر × ½ = صفر
∴ نسبة الخليط تكون ½ + صفر = ½

وبنفس الأسلوب السابق يمكن حساب H^I للتركيب الوراثي ¼A¾B الناتج من تلقيح ½A½B X B، والتركيب الوراثي ⅞A⅛B الذي نتج من تلقيح ¾A¼B X A، والتركيب الوراثي ½A½B الناتج من التزاوج ½A½B X ½A½B أو (½A½BX ½A½B) X ½A½B.

الجدول رقم (٣, ١١). معاملات قوة الخلط المباشرة والأمية والأبوية المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A، B.

التزاوج الجيل Generation Mating	المجموعة الوراثية Breed group من السلالة A	من السلالة B	تأثير قوة الخلط Heterosis (H) قوة الخلط في الفرد نفسه H^I	قوة الخلط الأبوية H^P	قوة الخلط الأمية H^M
جيل الآباء : Paternal generation					
A X A	1	0	0	0	0
B X B	0	1	0	0	0
خليط الجيل الأول 2-breed cross (F_1) :					
A X B	½	½	1	0	0
B X A	½	½	1	0	0
الخليط الرجعي الأول (F_2) First backcross:					
A X ½A½B	¾	¼	½	0	1
B X ½A½B	¼	¾	½	0	1
A X ½B½A	¾	¼	½	0	1
B X ½B½A	¼	¾	½	0	1
½A½B X A	¾	¼	½	1	0
½B½A X A	¼	¾	½	1	0
½A½B X B	¼	¾	½	1	0
½B½A X B	¼	¾	½	1	0
الخليط الرجعي الثاني (F_3) Second backcross:					
A X (¾A ¼ B)	⅞	⅛	¼	0	½
B X (¼A ¾ B)	⅛	⅞	¼	0	½
(¾A¼B) X A	⅞	⅛	¼	½	0
(¼A¾B) X B	⅛	⅞	¼	½	0
التلقيح البيني : Interse mating:					
½A½B X ½A½B	½	½	½	1	1

(٤ , ٦ , ١١) تقدير معاملات قوة الخلط الأبوية (H^P) Paternal Heterosis

يوضح الجدول رقم (٣ , ١١) السابق معاملات قوة الخلط الأبوية المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A، B. ينظر هنا لأبوي الأب الخليط للفرد نفسه عند حساب قوة الخلط الأبوية والتي يرمز لها بالرمز H^P مع حساب الاحتمالات الممكنة كما يلي :

لحساب H^P للتركيب الوراثي ¾A¼B والذي نتج من التلقيح الرجعي ½A½B X A تؤخذ النسب الوراثية الموجودة في أبوي الأب الخليط الناتج من تلقيح A X B ثم تحسب الاحتمالات كما يلي :

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأب = ١

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأم = ١

وبما أن الحدثين مستقلان فإن الاحتمال هو ١ × ١ = ١

واحتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأب = صفر

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأم = صفر

ومن ثم فإن الاحتمال الناتج هو صفر× صفر = صفر

$$\therefore H^P = 1 + 0 = 1$$

وكذلك فإن قوة الخلط الأبوية للتركيب الوراثي ¼A¾B تساوي الواحد الصحيح.

وبنفس الأسلوب السابق يمكن حساب H^P للتركيب الوراثي ⅞A⅛B والذي نتج من التلقيح الرجعي ¾A¼B X A. كما أن قوة الخلط الأبوية للتركيب الوراثي ⅛A⅞B تساوي ½.

(٥ , ٦ , ١١) تقدير معاملات قوة الخلط الأمية (H^M) Maternal heterosis

يوضح الجدول رقم (٣ , ١١) السابق معاملات قوة الخلط الأمية المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A، B. وهنا ينظر لأبوي الأم الخليطة للفرد نفسه عند حساب قوة الخلط الأمية والتي يرمز لها بالرمز H^M مع حساب الاحتمالات الممكنة. فمثلا عند حساب H^M للتركيب الوراثي ¾A¼B والذي نتج من التلقيح الرجعي ½A½B AX تأخذ النسب الوراثية الموجودة في أبوي الأم الخليطة الناتجة من تلقيح A X B ثم تحسب الاحتمالات كما يلي :

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأب = ١

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأم = ١

وحيث إن الحدثين مستقلان من ثم فإن الاحتمال الناتج هو ١ × ١ = ١

واحتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة B من الأب = صفر

احتمال أن الفرد الناتج يحمل جينات السلالة A من الأم = صفر

ومن ثم فإن الاحتمال الناتج هو صفر× صفر = صفر

$$\therefore H^M = 1 + 0 = 1$$

وبالأسلوب نفسه يمكن حساب قوة الخلط الأمية للتراكيب الوراثية ¼A¾B، ⅞ A⅛ B، ½A½B.

(٦ , ٦ , ١١) تقدير معاملات تأثيرات الفاقد الاندماجي Recombination Loss Effect

يوضح الجدول رقم (٤ , ١١) السابق معاملات الفاقد الاندماجي في الفرد نفسه والفاقد الاندماجي الأبوي والأمي المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A ، B.

الجدول رقم (٤ ,١١). معاملات الفاقد الاندماجي في الفرد نفسه والفاقد الاندماجي الأبوي والأمي المتوقعة لكل تركيب وراثي عند خلط سلالتين A ، B.

التزاوج الجيل Generation Mating	المجموعة الوراثية Breed group من السلالة A	من السلالة B	تأثير الفقد الاندماجي (R) قوة الفقد في الفرد نفسه R^I	قوة الفقد الأبوية R^P	قوة الفقد الأمية R^M
جيل الآباء : Paternal generation :					
A X A	1	0	0	0	0
B X B	0	1	0	0	0
خليط الجيل الأول : 2-breed cross (F_1):					
A X B	½	½	0	0	0
B X A	½	½	0	0	0
الخليط الرجعي الأول (F_2) First backcross:					
A X ½A½B	¾	¼	½	0	0
B X ½A½B	¼	¾	½	0	0
A X ½B½A	¾	¼	½	0	0
B X ½B½A	¼	¾	½	0	0
½A½B X A	¾	¼	½	0	0
½B½A X A	¼	¾	½	0	0
½A½B X B	¼	¾	½	0	0
½B½A X B	¼	¾	½	0	0
الخليط الرجعي الثاني (F_3) Second backcross:					
A X (¾A ¼ B)	⅞	⅛	¼	0	½
B X (¼A ¾ B)	⅛	⅞	¼	0	½
(¾A¼B) X A	⅞	⅛	¼	½	0
(¼A¾B) X B	⅛	⅞	¼	½	0
التلقيح البيني : Interse mating					
½A½B X ½A½B	½	½	½	0	0

تمرين للحل : وضح كيف يمكن الحصول على معاملات المكونات الوراثية الموضحة في الجدول التالي الناتجة من خلط ماشية الفريزيان مع الهوليشتين تحت الظروف المصرية لثلاثة أجيال (Khalil et al, 2000) ثم بين ما تحتويه كل مجموعة وراثية من مكونات وراثية :

سلالة الأب	سلالة الأم	سلالة البقرة	التأثير التجمعي المباشر **Direct additive**			التأثير التجمعي الأمي **Maternal additive**		
			g_H^I	g_F^I	g_{H-F}^I	g_H^M	g_F^M	g_{H-F}^M
Friesian (F)	Friesian (F)	Friesian (F)	0.0	1.0	-1.0	0.0	1.0	-1.0
Holstian (H)	Holstian (H)	Holstian (H)	1.0	0.0	1.0	1.0	0.0	1.0
H	F	½ H- ½ F	0.5	0.5	0.0	0.0	1.0	-1.0
F	½ F- ½ H	¾ F- ¼ H	0.25	0.75	-0.5	0.5	0.5	0.0
H	½ F- ½ H	¾ H- ¼ F	0.75	0.25	0.5	0.5	0.5	0.0
½ F-½ H	F	¼ H- ¾ F	0.25	0.75	-0.5	0.0	1.0	-1.0

سلالة الأب	سلالة الأم	سلالة البقرة	قوة الخلط			الفاقد الاندماجي (R^I)
			H^I	H^M	H^P	
Friesian (F)	Friesian (F)	Friesian (F)	0.0	0.0	0.0	0.0
Holstian (H)	Holstian (H)	Holstian (H)	0.0	0.0	0.0	0.0
H	F	½ H- ½ F	1.0	0.0	0.0	0.0
F	½ F- ½ H	¾ F- ¼ H	0.5	1.0	0.0	0.25
H	½ F- ½ H	¾ H- ¼ F	0.5	1.0	0.0	0.25
½ F- ½ H	F	¼ H- ¾ F	0.5	0.0	1.0	0.25

سلالة الأب مذكورة أولا قبل سلالة الأم.

(١١,٧) النماذج الوراثية وتقدير المكونات الوراثية في الأفراد عند خلط سلالتين
Genetic Model for Breed Crosses

لتوضيح المكونات الوراثية لنسل الجيل الأول الناتج من الخلط الثنائي Two–way crossing لسلالتين (A، B)أشار (Van Vleck 1993) إلى هذه المكونات لكل مجموعة وراثية من المجاميع الأربع فيما يلي :

المكونات الوراثية	المجموعة الوراثية
$G_A + G_A + M_A = 2G_A + M_A$	A XA
$G_B + G_B + M_B = 2G_B + M_B$	B X B
$G_A + G_B + H^I_{AB} + M_{B_{(AB)}}$	A X B
$G_A + G_B + H^I_{BA} + M_{A_{(BA)}}$	B X A

حيث G_A ، G_B = التأثير التجمعي Additive effect لكل من السلالة A والسلالة B علي التوالي.
M_A ، M_B = التأثير الأمي Maternal effect عند استخدام السلالة A كأم أو السلالة B كأم، علي التوالي.
H^I = قوة الخلط في الفرد نفسه Direct heterosis.

ومن هنا يمكن وضع النماذج للمكونات الوراثية الناتجة من خلط سلالتين كما يلي :

(١١,٧,١) نموذج التأثير الوراثي المباشر وتقدير قوة الخلط في الفرد نفسه

ورد عن Van Vleck 1993 أن نموذج التأثيرات الوراثية المباشر ة Direct genetic effects المتوقعة للتركيب الوراثي الخليط $\overline{AB}$ يكون:

$$\overline{AB} = \left[G^P (\frac{AA}{2}) + G^M (\frac{BB}{2}) \right] + H^I_{(AB)} + M_{B(AB)} =$$

$$G^I_{(AB)} + H^I_{(AB)} + M_{B_{(AB)}} \qquad \text{.................. (١١,٣)}$$

حيث:

$G^{P}(\frac{AA}{2})$ تمثل مساهمة الأثر الوراثي التجمعي لسلالة الأب A في نسله (أي القيمة التربوية للأب).

$G^{M}(\frac{BB}{2})$ تمثل مساهمة الأثر الوراثي التجمعي لسلالة الأم B في نسلها (أي القيمة التربوية للأم).

ويمثل الجزءان السابقان قيمة التأثيرات التجمعية المباشرة Direct additive effects في الفرد نفسه.

$H^{I}_{(AB)}$ = قوة الخلط في الفرد الخليط نفسه Individual heterosis.

$M_{B\ (AB)}$ = متوسط التأثيرات الأمية Breed average maternal effect للسلالة B.

١ – الأسلوب الأول لقدير المكونات الوراثية من خلط سلالتين :

بناءً على النموذج السابق ذكره يمكن تقدير المكونات الوراثية للجيل الأول من خلط سلالتين بمعادلات بسيطة كما يلي:

أ) حساب التأثير التجمعي المباشر في الفرد نفسه (G^{I}) كوحدات قياس:

$$G^{I} = (G^{I}_{A} - G^{I}_{B}) = [(AA - BB) - (BA - AB)] \quad \text{......(١١, ٤)}$$

أي أن:

G^{I} = (الفرق بين المجموعات النقية) – (الفرق بين المجموعات الخليطة).

ب) حساب قوة الخلط في الفرد نفسه (H^{I}) كوحدات قياس:

$$H^{I} = 0.5[(AB + BA) - (AA + BB)] \quad \text{......(١١, ٥)}$$

أي قيمة الفرق بين متوسط أداء الخلطان وأداء الآباء النقية.

ويمكن تقدير النسبة المئوية لقوة الخلط المباشرة لهذا النموذج باستخدام المعادلة التالية:

$$H^{I}_{AB}\% = 0.5\left[\frac{(AB + BA) - (AA + BB)}{(AA + BB)}\right] \times 100 \quad \text{.....(١١, ٦)}$$

ج) حساب التأثير الأمي (M) كوحدات قياس:

$$M_B = \frac{1}{2}(M_A - M_B) = \frac{1}{2}(BA - AB) \quad \text{......(١١,٧)}$$

أي أن التأثير الأمي (M) هو نصف الفرق بين أداء الخليط BA عند استخدام السلالة A كأم وأداء الخليط AB عند استخدام السلالة B كأم. وللتبسيط وطبقا لتعريف ديكرسون (Dickerson,1969) يمكن حساب التأثير الأمي على أساس أنه الاختلافات في الخلطان العكسية Reciprocal cross differences أي بين الخليطAB والخليطBA ، أو بمعنى آخر الاختلاف في استخدام السلالة A كأم واستخدام السلالة B كأم. وهذه الاختلافات تعكس المقدرة الأمية Maternal ability للسلالتين.

٢- الأسلوب الثاني لقدير المكونات الوراثية من خلط سلالتين:

طبقا لمعاملات المكونات الوراثية المتوقعة في المجموعات الوراثية الناتجة من خلط سلالتين والسابق ذكرها في الجدولين رقمي (١١,٢) ، (١١,٣) فإنه يمكن حساب هذه المكونات للجيل الأول على سبيل المثال من خلال تكوين مصفوفة من هذه المعاملات لإيجاد المتضادات الخطية Linear contrasts وبالتالي استخراج المكونات الوراثية. واشتقاق المصفوفة هذه يمكن توضيحه فيما يلي:

المجموعة الوراثية	G^P الفرق	G^P A	G^P B	G^M الفرق	G^M A	G^M B	G^I	H^I	M
AA	1	0	1	1	0	1	1	0	0
BB	0	1	-1	0	1	-1	-1	0	1
AB	1	0	1	0	1	-1	1	1	1
BA	0	1	-1	1	0	1	-1	1	0

حيث M = تأثير الأمومة لاستخدام السلالة B كأم. ومن ثم فإن مصفوفة استخراج المكونات الوراثية للجيل الأول من خلط سلالتين تصبح كما يلي :

$$\begin{bmatrix} & G^I & H^I & M \\ AA & 1 & -1 & 0 \\ BB & -1 & -1 & 0 \\ AB & 1 & 1 & -1 \\ BA & -1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

مثال محلول لتقدير المكونات الوراثية للجيل الأول من الخلط البسيط : عند استخدام الخلط البسيط بين ذكور البلدي (**B**) وإناث الشورتهورن (**S**) والتلقيح العكسي لذلك فما هي قوة الخلط المتوقعة الناتجة من هذا الخلط إذا علمت أن :

متوسط السلالة B = ٤٠ وحدة، متوسط السلالة S = ٥٠ وحدة،

متوسط أداء الخليط BS = ٥٥ وحدة، والخليط العكسي SB = ٥٠ وحدة

الحل

حساب قوة الخلط في الفرد نفسه (H^I)

$$H^I \text{ units} = ½[(BS+SB) – (BB+SS)]$$
$$= ½ [(55+50) – (40+50)] = ½(105 –90) = 7.5 \text{ unit}$$
$$H^I \% = [7.5/(40+50)](100) = 8.3 \%$$

حساب التأثير التجمعي في الفرد نفسه (G^I)

$$G^I = (G^I_B - G^I_S) = [(BB - SS) - (SB - BS)]$$
$$G^I = [(40 - 50) - (50 - 55)] = -10 + 5 = -5 \;\; unit$$

وبما أن التأثير التجمعي في الفرد نفسه بالسالب، لذا يكون في صالح سلالة الشورتهورن.

حساب تأثير الأمومة (M):

$$M_B = \frac{1}{2}(M_B - M_S) = \frac{1}{2}(SB - BS) = \frac{1}{2}(50 - 55) = -2.5 \;\; \text{Unit}$$

وبما أن التأثير الأمي قيمته سالبة، لذا يكون في صالح سلالة الشورتهورن بمقدار ٢,٥ وحدة.

(٢ ,٧ ,١١) نموذج تأثير الأمومة وتقدير قوة الخلط الأمية
Model for Maternal Effect And Maternal Heterosis

على فرض أن لدينا أمهات خليطة ناتجة من خلط سلالتين (A، B) فإن النموذج الوراثي لتأثير الأمومة والذي أشار إليه Van Vleck 1993 يكون :

الآباء	A X B ⬇
الجيل الأول	½A½B or ½B½A X A or B ⬇
الجيل الثاني	¾A¼B or ¾B¼A (البنات الخليطة)

$$(١١,٨)\ldots\ldots\ M_{(AB)} = \left[M(\frac{AA}{2}) + M(\frac{BB}{2}) \right] + H^{M}_{(AB)} + R^{I} + R^{M}$$

حيث إن هذا النموذج مطابق لنموذج التأثيرات المباشرة Direct effects السابق الذكر

ما عدا أن M وضعت في مقدمة المعادلة لتشير إلى أن $\frac{AA}{2}$، $\frac{BB}{2}$ تعبر عن متوسط التأثيرات الأمية Maternal effects للسلالتين A ، B المنقولة إلى بناتها الخليطة Crossbred daughters.

$H^{M}_{(AB)}$ = قوة الخلط الأمية Maternal heterosis والتي تظهر في الأفراد اعتبارا من الجيل الثاني.

R^{I} = الفاقد الاندماجي في الفرد نفسه والذي يظهر في الأفراد اعتبارا من الجيل الثاني نتيجة إعادة توليف الجينات في الفرد الخليط Crossbred Individual.

R^{M} = الفاقد الاندماجي الأمي الذي يظهر في الأفراد اعتبارا من الجيل الثالث نتيجة إعادة توليف الجينات في الأمهات الخليطة Crossbred dams.

هذا ويمكن تقدير قوة الخلط الأمية (H^M) لهذا النموذج الوراثي للجيل الثاني باستخدام المعادلة التالية (كوحدات قياس In units):

$$H^M = [(AXAB) + (BXAB)] - \frac{1}{2}[AA + BB + AB + BA]$$
$$= [\frac{3}{4}A\frac{1}{4}B + \frac{1}{4}A\frac{3}{4}B] - \frac{1}{2}[AA + BB + AB + BA] =$$
$$[AB_m + BA_m] - \frac{1}{2}[Pures + F_1\ crosses] \quad (١١ , ٩)$$

حيث AB_m ، BA_m تمثل أداء الخلطان الناتجة من خلط أمهات خليطة مع أحد الأبوين A أو B. والمعادلة (١١ , ٩) التالية أي أن:

قوة الخلط الأمية = (مجموع أداء الخلطان الناتجة من أمهات خليطة في الجيل الثاني) – (نصف مجموع أداء المجموعات الوراثية للجيل الأول)

وطبقاً للمعادلة السابقة فإن قوة الخلط الأمية H^M للخليط AB اعتبارا من الجيل الثاني (معبراً عنها كنسبة مئوية) يمكن حسابها باستخدام المعادلة التالية :

$$H^M_{AB} = [\frac{H^M in\ \text{units}}{\frac{1}{4}(AA + BB + \frac{1}{2}A\frac{1}{2}B + \frac{1}{2}B\frac{1}{2}A)}](100) \quad (١١ , ١٠)$$

مثال محلول لتقدير المكونات الوراثية من خلط سلالتين لعدة أجيال : من خلال الخلط البسيط بين سلالتين من الأغنام (A = عواسي، B = نجدي بلدي) أمكن الحصول علي متوسط وزن الحملان عند عمر التسويق (بالكجم) كما هو موضح لاحقاً :

أباء الجيل الأول:	B XB	B X A	A X B	A X A
	⬇	⬇	⬇	⬇
متوسط أداء الجيل الأول F_1:	BB 40 *kg*	½B½A 48 *kg*	½A½B 45 *kg*	AA 50 *kg*
أباء الجيل الثاني:		½B½A X B	½A½B X A	
		⬇	⬇	
متوسط أداء الجيل الثاني (F_2):		¼A¾B 46 *kg*	¾A¼B 49 *kg*	

مع العلم باستخدام الأمهات الخليطة للجيل الأول مع الذكور النقية لإنتاج الجيل الثاني.

أ) حساب التأثير التجمعي المباشر في الفرد نفسه (G^I) كوحدات قياس بالكجم

$$G^I = (G_A^I - G_B^I) = [(AA - BB) - (BA - AB)]$$
$$= (AA + AB) - (BB + BA)$$
$$= [(50 - 40) - (48 - 45)] = 10 - 3 = 7 \text{ kg}$$

ب) حساب قوة الخلط المباشرة في الفرد نفسه (H_{AB}^I)

$$H^I = 0.5[(AB + BA) - (AA + BB)]$$
$$H_{AB}^I = 0.5[(45 + 48) - (50 + 40)] = 1.5kg$$

وقيمة قوة الخلط المباشرة هذه مقدرة بوحدات قياس بالكجم ولكن يمكن التعبير عنها كنسبة مئوية كما يلي :

$$H^I\% = \frac{H^I \quad in\ units}{\frac{1}{2}(50+40)} X100 = \frac{1.5}{45} X100 = 3.3\%$$

جـ) حساب التأثير الأمي (M) كوحدات قياس بالكجم

$$M_B = \frac{1}{2}(M_B - M_A) = \frac{1}{2}(AB - BA)$$
$$= \frac{1}{2}(45 - 48) = -1.5 \text{ kg}$$

ومن ثم فإن الإشارة السالبة لتأثير الأمومة المحسوب تشير إلى أن هذا التأثير في صالح سلالة العواسي بمقدار ٥ , ١ كجم.

د) حساب قوة الخلط الأمية

هنا تستخدم الأمهات الخليطة الناتجة من الجيل الأول في تقدير قوة الخلط الأمية للحملان الخليطة الناتجة من الجيل الثاني كما يلي :

$$H_{AB}^M = [\tfrac{3}{4}A\tfrac{1}{4}B + \tfrac{1}{4}A\tfrac{3}{4}B] - \tfrac{1}{2}[AA + BB + AB + BA]$$
$$= [49 + 46] - \tfrac{1}{2}[50 + 40 + 45 + 48] = 95 - 91.5 = 3.5 \ kg$$

وقيمة قوة الخلط الأمية هذه مقدرة بوحدات قياس بالكجم ولكن يمكن التعبير عنها كنسبة مئوية كما يلي:

$$H_{AB}^{M} = \frac{H^{M} \ \ in\ units}{\frac{1}{4}[AA + BB + \frac{1}{2}A\frac{1}{2}B + \frac{1}{2}B\frac{1}{2}A]}(100)$$

$$= \frac{3.5}{\frac{1}{4}[50+40+45+48]}(100) \quad = \quad \frac{3.5}{45.75}(100) = 7.6\%$$

هـ) حساب الفاقد الاندماجي

نظراً لوجود جيل ثان فقط في هذا المثال لذا فإن الفاقد الاندماجي الموجود هنا يمثل الفاقد الاندماجي في الفرد نفسه (**R^I**) وهو:

قوة الخلط في الفرد نفسه – [أداء خلطان الجيل الأول – أداء خلطان الجيل الثاني]

$$R^{I} = \frac{1}{2}[(AA + BA) - (AA + BB)] -$$
$$[(AB + BA) - (\frac{3}{4}A\frac{1}{4}B + \frac{1}{4}A\frac{3}{4}B)]$$

وبما أن الجزء الأول من المعادلة يساوي قوة الخلط في الفرد نفسه(H^I) ، فمن ثم:

R^I $= H^I$ – [F_1 crosses – F_2 crosses]

= 1.5 –[(45+48)-(49+46)] =1.5 –[93-95] = 1.5 +2 = 3.5 kg

(٣ ,٧ ,١١) نموذج تأثير الأبوة وتقدير قوة الخلطة الأبوية

Model for Paternal Effect and Paternal Heterosis

على فرض أن لدينا أباء خليطة ناتجة من خلط سلالتين وطبقا لما ورد عن Van Vleck (1993) فإن النموذج الوراثي لتأثير الأبوة يكون:

$$(11,11)....\ P_{(AB)} = \left[P(\frac{AA}{2}) + P(\frac{BB}{2})\right] + H_{(AB)}^{P} + R^{I} + R^{P}$$

حيث إن P وضعت في مقدمة المعادلة لتشير إلى أن $\frac{AA}{2}$ ، $\frac{BB}{2}$ تعبر عن متوسط التأثيرات الأبوية للسلالتين A ، B المنقولة إلى أبناها الخليطة، $H^{P}_{(AB)}$ = قوة الخلط الأبوية Paternal heterosis التي تظهر في الأفراد اعتبارا من الجيل الثاني نتيجة استخدام الآباء الخليطة.

R^{I} = الفاقد الاندماجي في الفرد نفسه والذي يظهر في الأفراد اعتبارا من الجيل الثاني نتيجة إعادة توليف الجينات في الفرد الخليط Crossbred individual.

R^{P} = الفاقد الاندماجي الأبوي الذي يظهر في الأفراد اعتبارا من الجيل الثالث نتيجة إعادة توليف الجينات في الآباء الخليطة Crossbred Sires.

هذا ويمكن تقدير قوة الخلط الأبوية (H^{P}_{AB}) كوحدات قياس لهذا النموذج الوراثي باستخدام المعادلة التالية:

$$(١١,١٢)..... \quad H^{P}_{AB} = [AB_P + BA_P] - \tfrac{1}{2}[pures] - \tfrac{1}{2}[F_1 \text{ Crosses}]$$

$$(١١,١٣)..... \quad H^{P}_{AB} = [\tfrac{3}{4}A\tfrac{1}{4}B + \tfrac{1}{4}A\tfrac{3}{4}B] - \tfrac{1}{2}[AA+BB] - \tfrac{1}{2}[AB+BA]$$

حيث AB_P ، BA_P تمثل أداء الخلطان الناتجة من خلط أباء (طلائق) خليطة مع أحد الأبوين A ، B . المعادلة رقم (١١,٣) التالية أي أن :

قوة الخلط الأبوية = (مجموع أداء الخلطان الناتجة من أباء خليطة في الجيل الثاني) - (نصف مجموع أداء المجموعات الوراثية للجيل الأول)

ويمكن التعبير عن قوة الخلط الأبوية كنسبة مئوية باستخدام المعادلة التالية.

$$(١١,١٤)..... \quad H^{M}_{AB} = \frac{H^{P} \text{ in units}}{\tfrac{1}{4}[AA+BB+\tfrac{1}{2}A\tfrac{1}{2}B+\tfrac{1}{2}B\tfrac{1}{2}A]}(100)$$

تمرين للحل : من خلال الخلط البسيط لسلالتين من الأغنام (A = استرالي، N = النجدي) أمكن الحصول على متوسط وزن الفطام عند عمر ثلاثة شهور (بالكجم) كما هو موضح بعد:

أباء الجيل الأول:	N X N	N X A	A X N	A X A
متوسط أداء الجيل الأول F_1:	NN 7 *kg*	½N½A 8 *kg*	½A½N 10 *kg*	AA 12 *kg*
أباء الجيل الثاني:		½N½A X N	½A½N X A	
متوسط أداء الجيل الثاني (F_2):		¼A¾N 9 *kg*	¾A¼N 11 *kg*	

من البيانات السابقة وبمعلومية استخدام الأمهات الخليطة في هذا البرنامج قم بحساب التالي :

١- التأثير التجمعي المباشر في الفرد نفسه (G^I) كوحدات قياس بالكجم.

٢- قوة الخلط المباشرة في الفرد نفسه (H^I_{AB}) كوحدات قياس بالكجم وكنسبة مئوية.

٣- التأثير الأمي (M) كوحدات قياس بالكجم.

٤- قوة الخلط الأمية كوحدات قياس بالكجم وكنسبة مئوية.

الفصل الثاني عشر

تقدير التغاير الوراثي بين الأقارب والمكافئ الوراثي للصفات الكمية

(١ , ١٢) مفهوم المكافئ الوراثي
Concept of Heritability

في الحيوانات الزراعية يلاحظ أن الصفات الوصفية تتحكم فيها الجينات بنسبة كبيرة ولا دخل فيها لأثر البيئة، ولكن فيما يتعلق بالصفات الإنتاجية فإننا نجد أن أداء الحيوان يتأثر بكل من التركيب الوراثي Genotype والبيئة Environment ولكن بدرجات متقاربة. ومعروف سابقا أن مظهر الصفة الإنتاجية Phenotype على أي حيوان عبارة عن محصلة لأثر التركيب الوراثي لهذا الحيوان وأثر البيئة التي يتعرض لها بالإضافة لأثر التداخل بين التركيب الوراثي والبيئة Genotype – environment interaction. وبالرجوع إلى أسباب التباين المظهري في العشيرة بالفصل السابع من هذا الكتاب نجد أن التباين المظهري يمكن حسابه من المعادلة التالية :

$$\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_E + \sigma^2_{GE} \quad ....(١٢ , ١)$$

ولسهوله الفهم فإنه يمكن التغاضي عن التباين الذي يرجع للتداخل بين التركيب الوراثي والبيئة وبالتالي توضع المعادلة في الصورة التالية:

$$\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_E \quad ....(١٢ , ٢)$$

ويعبر المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع (h^2_b) عن نسبه التباين الوراثي ككل إلى التباين المظهري الكلي والذي تتراوح قيمته نظريا بين الصفر والواحد الصحيح.

$$h^2_b = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (١٢,٣)$$

ويعبر المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق h^2_n عن نسبه التباين التجمعي إلى التباين المظهري الكلي :

$$h^2_n = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (١٢,٤)$$

وعادة فإن قيمة المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق (المحدد) تكون دائما أصغر من قيمة المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع (العريض) إلا في حاله انعدام التباين السيادي والتباين التفوقي فإن القيمتين تتساويان، ومجموع كل من الأثر التجمعي والسيادي والتفوقي للجينات التي يحملها فرد معين هو الذي يحدد الأثر الوراثي بهذا الفرد إلا أن الأثر التجمعي هو الأثر الوحيد الذي يحدد القيمة التربوية للفرد إذ منه يمكن حساب القيمة المتوقعة لنسل هذا الفرد (الأثر الوحيد الذي ينتقل من جيل إلى آخر) في العشائر الحيوانية عشوائية التزاوج، ومن هنا يتضح أهمية المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق (المحدد).

(١٢,٢) الأهمية العملية لتقدير المكافئ الوراثي

١- تفيد المربي في تحديد طريقة التزاوج التي يتبعها في قطيعه، فإذا كانت قيمة المكافئ الوراثي مرتفعه (ناشئة عن الأثر التجمعي) يمارس الانتخاب ثم تمارس التربية الداخلية بعد ذلك لتقسيم القطيع إلى مجموعات ينتخب فيما بينها والاحتفاظ بأبنائها. أما إذا كانت قيمة المكافئ الوراثي مرتفعة نتيجة ارتفاع قيمة الأثر التفوقي والسيادي (الأثر اللاتجمعي Non-additive effect) فيمارس الخلط ثم تمارس التربية الداخلية للحصول على طرز مختلفة يتم التزاوج فيما بينها للحصول

على حيوانات ذات مستوى أداء أعلى. أما إذا كانت قيمة المكافئ الوراثي منخفضة فلا تتبع التربية الداخلية في القطيع ولا يجدي الانتخاب.

٢- قيمة المكافئ الوراثي تعد عاملا محددا للتحسين الوراثي الناشئ عن الانتخاب. يتضح ذلك من المعادلة التالية :

الاستجابة للانتخاب = المكافئ الوراثي X الفارق الانتخابي

٣- قيمة المكافئ الوراثي تحدد أعداد النسل المستخدمة في تقدير اختبار النسل للطلائق.

٤- قيمة المكافئ الوراثي تدخل في حسابات أدلة الانتخاب لأكثر من صفة.

(١٢,٣) تقدير التغاير الوراثي بين الأقارب

Estimation of Genetic Covariance Between Relatives

طبقاً لمعاملات الأثر التجمعي للجينات والأثر السيادي فإن الصيغة العامة للتغاير الوراثي بين الأقارب ($Cov_{Relatives}$) تكون :

$$Cov_{Relatives} = \alpha\sigma^2_A + \beta\sigma^2_D + \alpha^2\sigma^2_{AA} + \alpha\beta\sigma^2_{AD} + \beta^2\sigma^2_{DD} + \alpha^3\sigma^2_{AAA} + .\ etc. \quad (١٢,٥)....$$

حيث $Cov_{Relatives}$ = التغاير الوراثي بين الأقارب والذي يمكن تفسيره على أساس التباين الوراثي في المعادلة السابقة. ويمكن تلخيص التباين والتغاير الوراثي بين الأقارب في الجدول رقم (١٢,١). ويتضح من الجدول رقم (١٢,١) أن التغاير الوراثي بين الأخوة الأشقاء يساوي ٥٠٪ وهذا يعني أن الأخوة الأشقاء تتشابه في نصف تركيبها الوراثي فقط وكذلك الأخوة أنصاف الأشقاء تتشابه في ربع تركيبها الوراثية فقط وهكذا في حالات القرابة المختلفة.

الجدول رقم (١ ,١٢). مكونات التباين والتغاير الوراثي لحالات القرابة المختلفة.

Covariance التغاير	σ^2_A	σ^2_D	σ^2_{AA}	σ^2_{AD}	σ^2_{DD}	σ^2_{AAA}
التوائم وحيدة الزيجوت $Cov_{(Monozygotic\ twins)}$	1	1	1	1	1	1
أخوات أشقاء Full-sibs (Dizygotic twins)	½	¼	¼	1/8	1/16	1/8
أنصاف أشقاء (أبوية أو أمية) Half-sibs	¼	0	1/16	0	0	1/64
الأب والنسل Parent-offspring	½	0	¼	0	0	1/8
الجد والحفيد Grandparent-grandchild	¼	0	1/16	0	0	1/64
أولاد العم أو الخال من الدرجة الأولى First Cousins	1/8	0	1/64	0	0	1/512
أولاد العم أو الخال من الدرجة الثانية Double First Cousins	¼	1/16	1/16	1/64	1/256	1/64
العمة أو الخالة وأبنه الأخ أو ابنه الأخت Aunt-niece	¼	0	1/16	0	0	1/64
العم أو الخال وابن الأخ أو ابن الأخت Aunt-niece	¼	0	1/16	0	0	1/64
الصيغة العامة للتغاير Cov	α	β	α^2	$\alpha\beta$	β^2	α^3

(١٢, ٤) تقدير المكافئ الوراثي من التغاير الوراثي بين الأقارب

Estimation of Heritability From Genetic Covariance Between Relatives

يقدر المكافئ الوراثي بعدة طرق كلها تعتمد على قياس درجه التغاير الوراثي بين الأقارب ومقارنتها بالتغاير بين أفراد أقل قرابة لبعضها. واتباع أي من هذه الطرق يتوقف على عدة عوامل نذكر منها :

١- توافر البيانات اللازمة أو سهوله الحصول عليها.

٢- نوع الصفة المراد تقدير مكافئها الوراثي. فمثلا الصفات التي تستلزم ذبح الحيوان لا تصلح لها دراسة التغاير بين الأفراد وآبائهم.

وأهم طرق تقدير المكافئ الوراثي يمكن إيجازها فيما يلي :

(١, ٤, ١٢) تقدير المكافئ الوراثي باستخدام التغاير بين المجاميع المتطابقة وراثيا

Covariance Between Isogenic Lines

معروف أن الأفراد المتطابقة وراثيا نادرة في حيوانات المزرعة لذا لا تستخدم هذه الطريقة إلا إذا توافر عدد كبير من هذه الأفراد كما هو الحال في التوائم الصنوية (المتطابقة) Identical twins. والتباين بين أزواج التوائم الصنوية يعود إلى الاختلافات في كل من البيئة والوراثة. وأن التباين داخل أزواج التوائم الصنوية يعود للاختلافات في البيئة فقط. وعلى هذا الأساس إذا رمزنا بالرمز σ^2_B للتباين بين أزواج التوائم الصنوية، σ^2_W للتباين داخل أزواج التوائم الصنوية فإنه يمكن تقدير قيمة المكافئ الوراثي بالمفهوم الواسع(h^2_b) بتطبيق المعادلة:

$$h_b^2 = \frac{(\sigma_B^2 - \sigma_W^2)}{\sigma_B^2} \quad \text{.................(١٢ , ٦)}$$

يؤخذ على هذه الطريقة أن أفراد التوائم الصنوية تتشابه مع بعضها أكثر؛ لأنها نشأت في بيئة مشتركة سواء داخل الرحم أو خارجه ويؤدي ذلك إلى ارتفاع قيمة المكافئ الوراثي المقدر بهذه الطريقة. وللتغلب على ذلك يمكن تقدير المكافئ الوراثي عن طريق مقارنه التغاير بين التوائم الصنوية والتوائم غير الصنوية Fraternal twins في كلتا الحالتين

البيئة تكون مشتركة. فإذا رمز للتباين بين الأفراد التوائم المتطابقة (الصنوية) بالرمز σ^2_I وللتباين بين الأفراد التوائم غير متطابقة (غير الصنوية) بالرمز σ^2_F فإنه يمكن تقدير h^2_b بتطبيق المعادلة :

$$h_b^2 = \frac{2(\sigma_F^2 - \sigma_I^2)}{2(\sigma_F^2 - \sigma_I^2) + \sigma_I^2} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots (١٢,٧)$$

حيث σ^2_I تمثل التباين البيئي فقط، σ^2_F تمثل التباين البيئي + التباين الوراثي، $2(\sigma^2_F - \sigma^2_I)$ تمثل التباين الوراثي الكلي (σ^2_G) . والضرب في ٢ في المعادلة السابقة لأن التوائم غير الصنوية تتشابه في نصف عواملها الوراثية فقط.

(١٢,٤,٢) تقدير المكافئ الوراثي باستخدام التغاير الوراثي بين الآباء والأبناء

Parent-Offspring Covariance

يلاحظ في العشائر الحيوانية عشوائية التزاوج أن احتمال التغاير الوراثي بين الأب وأي من أبنائه يساوي ٥٠٪ وهذا يعنى أنه في مثل هذه العشائر يتشابه كل من الأب والابن في نصف تركيبهما الوراثي فقط. والمكافئ الوراثي المحسوب على أساس هذه العلاقة والذي يرمز له بالرمز h^2_{OP} يعادل ضعف معامل الارتباط بين مظهر أداء الصفة على الآباء (X) ومظهرها على الأبناء (Y) أو ضعف معامل اعتماد مظهر أداء الصفة في الأبناء على مظهرها في الآباء .

المكافئ الوراثي = ٢(معامل الارتباط بين مظهر أداء الصفة على الآباء والأبناء)

= ٢ (معامل الاعتماد لمظهر أداء الصفة في الأبناء على الآباء)

= ٢ (التغاير الوراثي بين الآباء والنسل)

$$\mathbf{h^2_{OP} = 2r_{XY} = 2b_{YX} = 2\ (Cov_{\ parent\text{-}offspring})} \quad \ldots\ldots\ldots\ldots (١٢,٨)$$

يستخدم معامل الارتباط بين الآباء والأبناء في تقدير المكافئ الوراثي في القطعان أو العشائر الحيوانية التي يجرى فيها انتخاب الأباء. والمكافئ الوراثي المقدر بهذه الطريقة يحتوي على :

$$h^2_{OP} = 2(Cov_{\text{parent-offspring}})$$

$$h^2_{OP} = 2[½σ^2_A + ¼σ^2_{AA} + 1/8σ^2_{AAA} + .. + (½)^nσ^2_{AAA....A}]$$

$$= σ^2_A + ½σ^2_{AA} + ¼σ^2_{AAA} + ... \quad (١٢,٩)$$

حيث $σ^2_A$ = التباين الوراثي التجمعي.

$σ^2_{AA}$ = التباين التفوقي الناتج عن تداخل الأثر التجمعي لجينين.

$σ^2_{AAA}$ = التباين التفوقي الناتج عن تداخل الأثر التجمعي لثلاث جينات.

ومن ثم فإن المكافئ الوراثي المحسوب بهذه الطريقة يحتوي على : كل التباين التجمعي + جزء من التباين التفوقي، لذا تقل قيمته عن قيمة المكافئ الوراثي بالمعنى العريض وتزيد قيمته عن قيمة المكافئ الوراثي بالمعنى المحدد. وعند اتباع هذه الطريقة في حساب المكافئ الوراثي يتطلب الأمر ظهور الصفة على الأبناء والآباء المستخدمة. فمثلا يحسب المكافئ الوراثي لصفة محصول اللبن على أساس العلاقة بين الأمهات وبناتها وفي صفة وزن الجسم على أساس العلاقة بين الحيوان كلا الأبوين. وهذه الطريقة لتقدير المكافئ الوراثي لا تصلح للصفات التي يستلزم لقياسها ذبح الحيوان قبل النضج الجنسي مثل خواص الذبيحة ونسبه التصافي والتشافي.

يقدر معامل الارتباط أو معامل الاعتماد عند اتباع هذه الطريقة باستخدام المعادلات البسيطة على أساس أن الرمز **X** يرمز لمظهر أداء الصفة على أي أب، والرمز **Y** يرمز لمظهر أداء الصفة على الابن المستخدم أو لمتوسط الصفة على أبنائه.

وإذا توافرت معلومات عن عدد من الأبناء فإن Y ترمز لمتوسط أبناء أي أب. وإذا توافرت المعلومات اللازمة عن كل من الأبوين فيقدر المكافئ الوراثي على أساس أنه يعادل معامل اعتماد الفرد على متوسط أبويهMid-parents وفي هذه الحالة لا يضاعف معامل الاعتماد. ويرمز لمتوسط مظهر أداء الصفة على كل أبوين بالرمزX ولمظهر أداء الصفة على الابن بالرمز Y وعليه يكون :

المكافئ الوراثي = معامل اعتماد الفرد على متوسط أبويه

المكافئ الوراثي = التغاير الوراثي بين النسل ومتوسط الأبوين

$$h^2_{OMP} = b_{YX} = Cov_{(\text{Offspring-midparent})} = Cov_{OMP} \quad (١٢,١٠)$$

حيث h^2_{OMP} تمثل المكافئ الوراثي المحسوب من معامل اعتماد النسل على متوسط أبويه والذي يحتوي على :

$$h^2_{OMP} = Cov_{OMP} = [\frac{1}{2}\sigma^2_A + \frac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/8\sigma^2_{AAA} + ... + (\frac{1}{2})^n\sigma^2_{AAA....A}]$$

$$= \frac{1}{2}\sigma^2_A + \frac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/8\sigma^2_{AAA} + ... \quad .... (١٢ , ١١)$$

أي أنه يحتوي على نصف التباين التجمعي وجزء من التباين التفوقي.

مثال محلول لتقدير المكافئ الوراثي من العلاقة بين الآباء والأبناء : ورد عن Van Vleck 1993 في كتابه أن البيانات التالية تمثل ٢٠ زوجا من السجلات التي تم قياسها على النسل Progeny وأحد الآباء Parent والتي تم سحبها من عشيرة حيوانية متوسطها = (μ 150) وانحرافها القياسي الوراثي $\sigma_G = 10$ وأن $\sigma_e = 20$. احسب قيمة المكافئ الوراثي.

الزوج Pair (i)	أداء الأب Parent (X)	أداء النسل Progeny (Y)	XY	X^2	Y^2
1	194	172	33368	37636	29584
2	164	175	28700	26896	30625
3	147	142	20874	21609	20164
4	165	159	26235	27225	25281
5	181	148	26788	32761	21904
6	155	164	25420	24025	26896
7	142	157	22294	20164	24649
8	153	166	25398	23409	27556
9	159	144	22896	25281	20736
10	138	113	15594	19044	12769
11	168	148	24864	28224	21904
12	164	173	28372	26896	29929
13	202	169	34138	40804	28561
14	129	145	18705	16641	21025
15	194	184	35696	37636	33856
16	148	176	26048	21904	30976
17	171	169	28899	29241	28561
18	148	105	15540	21904	11025
19	167	162	27054	27889	26244
20	146	169	24674	21316	28561
n. = 20	X. = 3235	Y. = 3140	$\sum XY$= 511557	$\sum X^2$= 530505	$\sum Y^2$ = 500806

تقدير قيمة المكافئ الوراثي باستخدام تحليل الارتباط :

$$r_{XY} = \frac{\sum XY - \frac{(\sum X)(\sum Y)}{n}}{\sqrt{\sum X^2 - \frac{(\sum X)^2}{n}}\sqrt{\sum Y^2 - \frac{(\sum Y)^2}{n}}}$$

$$r_{XY} = \frac{511557 - \frac{(3235)(3140)}{20}}{\sqrt{530505 - \frac{(3235)^2}{20}}\sqrt{500806 - \frac{(3140)^2}{20}}}$$

$$= \frac{3662}{(85.11)(88.46)} = 0.48$$

$$\therefore h^2 = 2\ r_{XY} = 2(0.48) = 0.96$$

تقدير قيمة المكافئ الوراثي باستخدام تحليل الانحدار :

$$b_{YX} = \frac{\sum XY - \frac{(\sum X)(\sum Y)}{n}}{\sum X^2 - \frac{(\sum X)^2}{n}}$$

$$= \frac{511557 - \frac{(3235)(3140)}{20}}{5305050 - \frac{(3235)^2}{20}} = \frac{3662}{7243.75} = 0.5$$

$$\therefore h^2 = 2\ b_{YX} = 2(0.5) = 1.0$$

وكذلك يمكن حساب المكافئ الوراثي من التغاير الوراثي بين الآباء والنسل كما هو موضح لاحقاً :

$\sum X^2 = (194)^2 + \ldots\ldots + (146)^2 = 530505$

$\sum Y^2 = (172)^2 + \ldots\ldots + (169)^2 = 500806$

$\sum XY = (194)(172) + \ldots\ldots + (146)(169) = 511557$

$\sigma^2_X = [\sum X^2 - (\sum X)^2/n.]/df = [530505 - (3235)^2/20]/20\text{-}1 = 381.3$

$\sigma^2_Y = [\sum Y^2 - (\sum Y)^2/n.]/df = [500806 - (3140)^2/20]/19 = 411.9$

$\sigma_{XY} = [\sum XY - (\sum X)(\sum Y)/n.]/df$

$= [511557 - (3235)(3140)/20]/19 = 192.7$

وتمثل df هنا درجات الحرية.

$$h^2_{OP} = 2b_{YX} = 2\,(Cov_{\ parent\ -Offspring})$$

$$= 2\left[\frac{(\sigma_{XY})}{\sigma^2_X}\right] = 2\left[\frac{192.7}{381.3}\right] = 1.01$$

كذلك يمكن حسابها كالآتي :

$$h^2_{OP} = 2r_{XY} = 2\,(Cov_{\ offspring-parent}) = 2\,(Cov_{\ OP})$$

$$= 2\left[\frac{(\sigma_{XY})}{\sqrt{\sigma^2_X\,\sigma^2_Y}}\right] = 2\frac{192.7}{\sqrt{(381.3)(411.9)}}0.97$$

ويلاحظ من هذا المثال أن قيمة المكافئ الوراثي المحسوب من تحليل الانحدار والارتباط كبيرة جداً وخارج حدود المكافئ الوراثي الذي يتراوح قيمته بين الصفر والواحد الصحيح ويرجع هذا إلى قلة الأعداد المستخدمة في هذا المثال لتقدير المكافئ الوراثي. هذا مع العلم بأن المكافئ الوراثي المقدر من تحليل الانحدار والارتباط يمكن أن تكون قيمته عالية وتتعدى حدود المكافئ الوراثي.

(١٢، ٤، ٣) تقدير المكافئ الوراثي باستخدام التغاير الوراثي بين الأخوات الأشقاء Full-sibs Covariance

التغاير الوراثي بين أخوات أشقاء يحتوي علي نصف التغاير الوراثي التجمعي ومن ثم فالإخوة الأشقاء تتشابه في نصف تركيبها الوراثية فقط، واستنادا لهذه القاعدة فإن المكافئ الوراثي يحسب على أساس أنه ضعف التغاير الوراثي (معامل الارتباط) بين أخوات أشقاء بالنسبة لصفة من الصفات. إذن المكافئ الوراثي المحسوب من التغاير الوراثي بين أخوات أشقاء (h^2_{FS}) يكون:

$$\mathbf{h^2_{FS} = 2r_{FS} = 2\,(Cov_{\ Full\text{-}sibs}) = 2\,(Cov_{\ FS})} \quad \text{.........(١٢، ١٢)}$$

حيث : r_{FS}= معامل الارتباط بين أخوات أشقاء لصفة ما، $Cov_{\ FS}$ = التغاير الوراثي بين أخوات أشقاء.

وهذه الطريقة يمكن استخدامها لقياس المكافئ الوراثي للصفات في الدواجن والأرانب وإلخنازير وخنازير غينيا. إذ تعطى الأنثى أكثر من فرد واحد أشقاء في خلفة الولادة الواحدة. ولكن يصعب استخدام هذه الطريقة في الماشية والأغنام. والمكافئ الوراثي المحسوب بهذه الطريقة يحتوي على:

$$h^2_{FS} = 2(Cov_{FS}) = 2[\tfrac{1}{2}\sigma^2_A + \tfrac{1}{4}\sigma^2_D + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/8\sigma^2_{AD} + 1/16\sigma^2_{DD} + 1/8\sigma^2_{AAA} + \ldots + \sigma^2_M] = \sigma^2_A + \tfrac{1}{2}\sigma^2_D + \tfrac{1}{2}\sigma^2_{AA} + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AD} + 1/8\sigma^2_{DD} + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AAA} + \ldots + 2\sigma^2_M] \quad (١٢ , ١٣)$$

أي أن المكافئ الوراثي المقدر بطريقة التغاير الوراثي بين أخوات أشقاء يحتوي على كل التباين التجمعي ونصف التباين السيادي وجزء من التباين التفوقي وضعف التباين الأمي، ولذا فهو عادة أكبر من معظم التقديرات الأخرى. والسبب في ظهور التباين السيادي هنا وعدم ظهوره في الطرق السابقة هو أن أخوات أشقاء يستمدون مصدر العلاقة بينهما عن طريق الأب والأم أي أكثر من مصدر مما يجعل الأثر السيادي في الأخوات الأشقاء مرتبطاً. وبجانب احتواء هذا التقدير على جزء كبير من التباين السيادي إلا أنه يعيبه أيضا أن تكون بعض الأخوات الأشقاء معاصره للبعض أو أنها نشأت في القطيع نفسه مما يؤدي إلى زيادة معامل ارتباطها لأسباب غير وراثية بجانب الجزء الوراثي الأمر الذي يستوجب استنباط طرق إحصائية لإزالة الجزء البيئي من الارتباط. وعليه فإن المكافئ الوراثي المحسوب من الأخوات الأشقاء يحتوي على كل التباين التجمعي + نصف التباين السيادي + جزء من التباين التفوقي + ضعف التباين الأمي + جزء من التباين البيئي. هذا وتصلح هذه الطريقة في الصفات التي تستلزم ذبح الحيوان مثل نسبه التصافي والتشافي وصفات الذبيحة المختلفة.

مثال محلول لتقدير المكافئ الوراثي من العلاقة بين أخوات أشقاء: في دراسة لتقدير المكافئ الوراثي لصفة وزن الذبيحة لسلالة ما في الماعز (بالكجم) تم سحب عينة تمثل خمسة من الجديان (X) ونظائرها من أخوات أشقاء (Y) بياناتها كالتالي:

X	Y	XY	X²	Y²
8	12	96	64	144
6	8	48	36	64
6	9	54	36	81
4	9	36	16	81
8	8	64	64	64
∑X= 32	∑Y= 46	∑XY= 298	∑X² = 216	∑Y²= 434

ولحساب قيمة معامل الارتباط بين مظهر أداء الصفة في مجموعة الجديان (X) ومظهرها لدى أخوتها الأشقاء (Y) يتبع ما يلي :

$$r_{XY} = \frac{\sum XY - [\frac{(\sum X)(\sum Y)}{n}]}{\sqrt{[\sum X^2 - \frac{(\sum X)^2}{n}]}\sqrt{[\sum Y^2 - \frac{(\sum Y)^2}{n}]}}$$

$$r_{XY} = \frac{\left[298 - \frac{(32)(46)}{5}\right]}{\sqrt{[216 - \frac{(32)^2}{5}]}\sqrt{[434 - \frac{(46)^2}{5}]}} = 0.33$$

بالتالي فإن قيمة المكافئ الوراثي المحسوبة من العلاقة بين الأخوات الأشقاء (h^2_{FS}) تكون:

$$h^2_{FS} = 2r_{FS} = 2\,(Cov_{FS}) = 2(0.33) = 0.66$$

(٤ , ٤ , ١٢) تقدير المكافئ الوراثي باستخدام التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء Half-sibs covariance

تعد هذه الطريقة أكثر الطرق شيوعا لتقدير المكافئ الوراثي لأن المعلومات المطلوب استخدامها متوافرة في معظم القطعان. ومن ثم فإنها تستخدم في معظم الحيوانات الزراعية وخاصة الماشية والجاموس والإبل والأغنام. وغالباً ما تكون البيانات المستخدمة لأنصاف أشقاء أبوية Paternal half-sibs مشتركة في الأب نفسه كأن

يكون هناك عدة طلائق لكل منها عده أبناء متمثلة في مجموعة من أنصاف الأشقاء. وبما أن احتمال التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء هو ٢٥٪ ومن ثم الأخوة أنصاف الأشقاء تتشابه في ربع تركيبها الوراثية فقط فإن قيمة المكافئ الوراثي تعادل أربعة أمثال التغاير الوراثي (أي معامل الارتباط) بين أنصاف الأشقاء. وبالتالي فإن المكافئ الوراثي المحسوب من أخوات أنصاف الأشقاء الأبوية (h^2_{PHS}) يكون:

$$h^2_{PHS} = 4r_{PHS} = 4\ (Cov_{PHS}) \quad \text{................} (١٢,١٤)$$

حيث r_{PHS} = معامل الارتباط بين أنصاف الأشقاء الأبوية Paternal Half-sibs ويرمز لها بالرمز PHS.

Cov_{PHS} = التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء الأبوية.

والمكافئ الوراثي المحسوب بهذه الطريقة يشتمل على الآتي:

$$h^2_{PHS} = 4(Cov_{PHS})$$

$$h^2_{PHS} = 4[\tfrac{1}{4}\sigma^2_A + 1/16\sigma^2_{AA} + 1/64\sigma^2_{AAA} + ...]$$

$$= \sigma^2_A + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/16\sigma^2_{AAA} + ... \quad \text{.............} (١٢,١٥)$$

أي أن المكافئ الوراثي المحسوب من تغاير أنصاف الأشقاء الأبوية يحتوي على كل التباين التجمعي + جزء من التباين التفوقي ولا يحتوي على أي تباين سيادي أو مشتقاته؛ لأن العلاقة بين أنصاف الأشقاء الأبوية مستمدة عن طريق أحد الأبوين فقط وهو الأب في هذه الحالة.

والمكافئ الوراثي المحسوب من أنصاف الأشقاء الأمية (h^2_{MHS}) يطابق في تقديره أنصاف الأشقاء الأبوية، ومن ثم:

$$h^2_{MHS} = 4r_{MHS} = 4\ (Cov_{MHS}) \quad \text{................} (١٢,١٦)$$

حيث : r_{MHS} = معامل الارتباط بين أنصاف الأشقاء الأمية Maternal Half-sibs ويرمز له بالرمز MHS.

Cov_{MHS} = التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء الأمية.

والمكافئ الوراثي المحسوب بهذه الطريقة يشتمل على الآتي :

$$h^2_{MHS} = 4(Cov_{MHS})$$
$$= 4[¼σ^2_A + 1/16σ^2_{AA} + 1/64σ^2_{AAA+.....} + σ^2_M]$$
$$= σ^2_A + ¼σ^2_{AA} + 1/16σ^2_{AAA+....} + 4σ^2_M \quad ....(١٢ , ١٧)$$

أي أن المكافئ الوراثي المقدر من تغاير أنصاف الأشقاء الأمية يحتوي على كل التباين التجمعي + جزء من التباين التفوقي + ٤ أمثال التباين الأمي ولا يحتوي على أي تباين سيادي أو مشتقاته؛ لأن العلاقة بين أنصاف الأشقاء مستمدة عن طريق أحد الأبوين فقط وهي الأم.

مثال محلول لتقدير المكافئ الوراثي من العلاقة بين أخوات أنصاف الأشقاء : إذا توافرت معلومات عن وزن الذبيحة لخمسه حملان (X_1) في قطيع ما وكان وزن الذبيحة لنظائرهم من أنصاف الأشقاء الأبوية (X_2) والأمية (X_3) كما هو موضح لاحقاً :

X_1	X_2	X_3	X_1X_2	X_1X_3	X_2X_3	X_1^2	X_2^2	X_3^2
8	12	10	96	80	120	64	144	100
6	8	12	48	72	96	36	64	144
6	9	8	54	48	72	36	81	64
4	9	8	36	32	72	16	81	64
8	8	10	64	80	80	64	64	100
$\sum X_1 = 32$	$\sum X_2 = 46$	$\sum X_3 = 48$	$\sum X_1X_2 = 98$	$\sum X_1X_3 = 312$	$\sum X_2X_3 = 440$	$\sum X_1^2 = 216$	$\sum X_2^2 = 434$	$\sum X_3^2 = 472$

احسب قيمة معامل الارتباط بين X_1 وكل من X_2، X_3 ثم احسب قيمة المكافئ الوراثي.

الحل

أ) تقدير المكافئ الوراثي من معامل الارتباط بين أنصاف الأشقاء الأبوية (R_{PHS}) :

$$r_{X_1X_2} = r_{PHS} = \frac{\sum X_1X_2 - \frac{(\sum X_1)(\sum X_2)}{n}}{\sqrt{[\sum X_1^2 - \frac{(\sum X_1)^2}{n}]}\sqrt{[\sum X_2^2 - \frac{(\sum X_2)^2}{n}]}}$$

$$r_{X_1X_2} = \frac{[298 - \frac{(32)(46)}{5}]}{\sqrt{[216 - \frac{(32)^2}{5}]}\sqrt{[434 - \frac{(46)^2}{5}]}} = 0.33$$

وبالتالي فإن قيمة المكافئ الوراثي المحسوب من التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء الأبوية(h^2_{PHS}) تكون:

$$h^2_{PHS} = 4r_{PHS} = 4\ (0.33) = 1.2$$

ويلاحظ هنا ارتفاع قيمة المكافئ الوراثي بدرجة كبيرة (أكبر من الواحد الصحيح) نظراً لصغر حجم البيانات المستخدمة.

ب) تقدير معامل الارتباط بين أنصاف الأشقاء الأمية Maternal half-sib:

يمكن حساب قيمة معامل الارتباط بين أنصاف الأشقاء الأمية(X_1 ، X_3)كما في الحالة الأولي ومنه يحسب قيمة المكافئ الوراثي.

تمرين للحل : إذا توافرت معلومات عن محصول اللبن بالكجم (مقسوم علي ١٠٠) خلال فترة إدرار ما لثمانية من الماعز(X_1) في قطيع ما وكذلك إنتاج أمهاتها (X_2) ونظائرهم من الأخوات الشقيقات (X_3) وأنصاف الأشقاء الأبوية (X_4) والأمية (X_5) كما هو موضح لاحقاً :

X_1	X_2	X_3	X_4	X_5
3.6	3.7	3.6	3.5	3.4
3.4	3.8	3.2	3.6	3.9
3.9	3.7	3.4	3.8	3.8
3.8	4.2	4.2	4.0	4.4
3.9	4.1	4.2	3.9	4.2
3.5	4.5	3.8	3.6	5.2
3.8	4.6	4.2	4.2	4.8
5.2	5.1	5.6	5.3	5.8
$\sum X_1=$	$\sum X_2=$	$\sum X_3=$	$\sum X_4=$	$\sum X_5=$

أكمل الجدول السابق ثم احسب قيمة معامل الارتباط بين مظهر أداء الصفة في مجموعة البنات (X_1) ومظهرها في أمهاتها (X_2) وكذلك مظهرها في أخوتها الأشقاء (X_3) وأنصاف الأشقاء الأبوية (X_4) والأمية(X_5) ثم احسب قيمة المكافئ الوراثي لجميع الحالات وفسرّ نتائجك وراثيا.

(١٢, ٥) تقدير المكافئ الوراثي من تجارب الانتخاب
Estimation of Heritablity From Selection Experiments

المكافئ الوراثي المحسوب بهذه الطريقة يمثل المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق؛ لأنه محسوب من واقع حدث فعلا بعملية الانتخاب ولذا يسمى أحيانا المكافئ الوراثي المحقق Realized heritability أما المكافئ الوراثي المحسوب بالطرق السابقة الأخرى فيسمى بالمكافئ الوراثي المتوقع Expected heritability.

يمكن حساب المكافئ الوراثي من تجارب الانتخاب التي تستمر لجيل واحد أو عدة أجيال وذلك بمقارنه متوسط الأبناء بمتوسط الآباء ويمكن الاستدلال على قيمة المكافئ الوراثي إذا استعنا بالعلاقة الآتية :

الاستجابة للانتخاب بعد جيل واحد = الفارق الانتخابي × المكافئ الوراثي

وعليه إذا حسبنا العائد أو الاستجابة الكلية لفعل الانتخاب (R) على مدى الأجيال وكذلك الفارق الانتخابي (S) لكل جيل (الفرق بين متوسط القطيع ومتوسط الآباء المنتخبة) يمكن حساب المكافئ الوراثي كما يلي :

المكافئ الوراثي = الاستجابة الكلية نتيجة للانتخاب ÷ مجموع الفوارق الانتخابية.

$$h_n^2 = \frac{R}{S} \qquad (١٢, ١٨)$$

مثال محلول : في قطيع من عجول الأبقار كان متوسط الوزن فيه عند عمر ستة شهور هو ٥ ,١٣٣ كجم وأجريت تجربة انتخاب لمدة خمسة أجيال وكانت الفوارق الانتخابية لأجيال الانتخاب الخمسة على التوالي تساوي ٥ ,١٢-١٥-١٤- ٥ ,١٤ -١٤ كجم ووصل متوسط وزن العجول في القطيع عند نفس العمر إلى ١٤٩ كجم وأنه يمكن حساب المكافئ الوراثي لهذه الصفة كالآتي :

العائد الكلي أو الاستجابة الفعلية للانتخاب = ١٤٩ - ٥ ,١٣٣= ٥ ,١٥ كجم

مجموع الفوارق الانتخابية = ٥ ,١٢+ ١٥+ ١٤+ ٥ ,١٤+١٤= ٧٠كجم

المكافئ الوراثي = الاستجابة الكلية نتيجة الانتخاب ÷ مجموع الفوارق الانتخابية.

المكافئ الوراثي = ٥ ,١٥ ÷ ٧٠ = ٢٢ ,٠

(١٢, ٦) تصنيف الصفات طبقا لقيم المكافئ الوراثي

تقسم الصفات المختلفة طبقاً لقيمة المكافئ الوراثي إلى :

١- صفات ذات مكافئ وراثي منخفض: وهذه الصفات لا يزيد المكافئ الوراثي فيها عن ١٥ ,٠ مثل معدلات إلخصوبة والتناسل، عدد خلفة البطن، ... إلخ.

٢- صفات ذات مكافئ وراثي متوسط: وهذه الصفات يقع المكافئ الوراثي فيها بين ٢ ,٠ - ٤ ,٠ مثل معظم الصفات الإنتاجية (محصول اللبن - محصول الدهن - معدلات النمو - وزن الجسم -وزن الجزة، ... وخلافه).

٣- صفات ذات مكافئ وراثي مرتفع: وفيها يكون المكافئ الوراثي أكثر من ٤ ,٠ مثل صفات الهيكل العضلي والعظمى وأبعاد الجسم المختلفة.

والجداول أرقام (٢ ,١٢)، (١٢,٣) ، (٤ ,١٢) تمثل متوسط قيم المكافئ الوراثي المحسوب من النموذج الأبوي Sire Model (h^2_S) ونموذج الحيوان Animal model (h^2_A) لبعض الصفات الإنتاجية والتناسلية في الحيوانات الزراعية المختلفة المرباة في المنطقة العربية.

الجدول رقم (٢ ,١٢). مدى قيم المكافئ الوراثي للصفات الإنتاجية والتناسلية في الأبقار والجاموس المرباة في المنطقة العربية.

الصفة	السلالات المستخدمة	مدى المكافئ الوراثي	
		النموذج الأبوي h^2_S	نموذج الحيوان h^2_A
الأبقار:			
El-Sadafy (1989), Sultan and Khattab (1989), Khattab and Sultan (1990), Afifi et al (1992), Khalil et al (1992a&1994), Khattab (1992), Khattab et al (1994), Abou-Bakr et al (2000), Abdel-Salam et al (2001)			
محصول لبن ٣٠٥ يوم	الفرزيان – الهولشتين	0.11-0.38	0.08-0.28
طول فترة الإدرار		0.11-0.36	0.05-0.32
محصول اللبن الكلي		0.18-0.42	
العمر عند أول ولادة		0.14-0.38	
وزن الميلاد		0.14-0.38	
وزن الفطام		0.18-0.46	
الفترة بين ولادتين		0.03-0.13	0.01-0.14
فترة الأيام المفتوحة		0.03-0.15	
فترة الحياة الإنتاجية		0.04-0.23	
الجاموس:			
Ashmawy (1981), Sharaby and Kimary (1982), Mourad (1984), Sadek (1984), Kassab (1988), Mourad et al (1991), Khalil et al (1992b), Khattab and Mourad (1992), Mohamed et al (1993), Sadek and Ashmawy (1993), Metry et al (1994), Sadek et al (1994&1998), Mourad and Mohamed (1994), Fooda (1995), Gebriel (1996), Abou-Bakr (1996), Abd El-Lattef (2002)			
محصول لبن ٣٠٥ يوم	الجاموس المصري	0.09-0.38	0.19-0.38
طول فترة الإدرار		0.08-0.24	0.06-0.32
محصول اللبن الكلي		0.11-0.36	
وزن الميلاد		0.18-0.42	
العمر عند أول ولادة		0.12-0.31	
الفترة بين ولادتين		0.05-0.18	0.04-0.13

الجدول رقم (٣, ١٢). مدى قيم المكافئ الوراثي للصفات الإنتاجية والتناسلية في الأغنام والماعز المرباة في المنطقة العربية.

الصفة	السلالات المستخدمة	مدى المكافئ الوراثي	
		النموذج الأبوي h^2_S	نموذج الحيوان h^2_A
الأغنام :			
Fahmy et al (1969), Aboul-Naga and Afifi (1977&1982), Guirgis et (1982), Almahdy (1987), Aboul-Naga et al (1989), Mousa (1989), Ahmed (1991), Shaat (1996&2002)			
عدد الحملان عند الميلاد	الرحماني- الأوسيمي- البرقي- العواسي	0.02-0.30	
عدد الحملان عند الفطام		0.02-0.32	
محصول اللبن			
طول فترة الإدرار			
أوزان الجسم بعد الفطام		0.11-0.57	
وزن الميلاد		0.10-0.35	
وزن الفطام		0.12-0.52	
وزن الجزة		0.18-0.46	
الماعز:			
Mavrogenis et al (1984), Abdel-Salam (1991), Abdel-Raheem (1998), Mekawy et al (2000)			
عدد الخلفة عند الولادة		0.08-0.25	
محصول اللبن		0.13-0.48	0.16-0.48
طول فترة الإدرار		0.15-0.34	0.12-0.24
أوزان الجسم بعد الفطام			0.13-0.57

الجدول رقم (٤ ,١٢). مدى قيم المكافئ الوراثي للصفات الإنتاجية والتناسلية في الأرانب المرباة في المنطقة العربية.

الصفة	السلالات المستخدمة	مدى المكافئ الوراثي	
		نموذج الحيوان h^2_A	النموذج الأبوي h^2_S
Khalil et al (1986&1987a,b), Khalil et al (1988), Afifi et al (1989), Khalil and Khalil (1991), Khalil et al (1993), Khalil (1994), Khalil et al (1998), Khalil et al (2000), Sabra et al (2001), Khalil (2003)			
عدد الخلفة عند الولادة	النيوزيلندي، الكاليفورنيا، البوسكات، الجيزة الأبيض، البلدي، الطرز V الأسباني، الجبلي	0.08-0.28	0.05-0.24
عدد الخلفة عند الفطام		0.14-0.35	0.09-0.32
وزن الخلفة عند الولادة		0.22-0.46	0.24-0.42
وزن الخلفة عند الفطام		0.18-0.58	0.12-0.42
إنتاج اللبن			0.14-0.36
دهن اللبن			0.18-0.32
بروتين اللبن			0.08-0.21
أوزان الجسم بعد الفطام		0.28-0.62	0.18-0.58
وزن الذبيحة			0.23-0.46
صفات مكونات اللحم الكيماوية			0.03-0.13
معدلات استهلاك العلف			0.12-0.37
معامل التحويل الغذائي			0.14-0.42
صفات السائل المنوي			0.05-0.28
صفات الفرو		0.05-0.77	

(١٢, ٧) تقدير المكافئ الوراثي من جدول تحليل التباين أحادى الاتجاه

عند توافر البيانات اللازمة لتقدير مكونات التباين Variance components فإنه يمكن تقدير المكافئ الوراثي بإحدى الطرق المعروفة مثل طريقه التغاير بين أخوات الأشقاء والتغاير بين أخوات أنصاف الأشقاء ... إلخ من الطرق. ويعتمد التقدير هنا على نوع التصميم المستخدم في تجميع البيانات ويمكن الرجوع إلى المراجع التالية Becker, 1984; Falconer and Mackay, 1996; Van Vleck, 1993 لكثير من الاستفاضة.

(١ , ٧ , ١٢) تقدير مكونات التباين والمكافئ الوراثي من تحليل التباين أحادى الاتجاه لتصميم متزن One-Way Layout of Balanced Design

في هذا التصميم يكون عدد النسل لكل أب متساوياً Equal number of progeny per sire group. ويفيد هذا التصميم في الحيوانات التي تنجب نسلاً واحداً في كل ولادة كما يحدث في الماشية والإبل والجاموس على سبيل المثال. والتصميم مبنى على أساس أن كل أب ذكـــر بالعشيرة يلقح عدداً من الإناث وتنتج كل أنثى مولودا أو نسلا واحدا. وتؤخذ القياسات والبيانات على النسل الناتج لكل من الذكور والإناث كافةً.

(١ ,١ ,٧ ,١٢) النموذج الإحصائي Statistical Model

إذا كانت بيانات الصفة المقاسة على النسل معدلة لبعض العوامل البيئية المؤثرة عليها فإن غالبية الفروق بين مجموعات نسل الآباء Sire groups تعود لفرق وتأثير الآباء (الطلائقSires أو الأمهات Dams)، ومن ثم فإن النموذج الإحصائي سوف يضم الآباء والخطأ العشوائي إضافة إلى متوسط الصفة في تلك العشيرة كما هو موضح لاحقاً:

أ) في حالة النموذج الأبوي Sire model

(١٩ , ١٢)...... $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij}$, $i= 1.....S,$ $j= 1........n,$

ب) في حالة النموذج الأمي Dam model

(٢٠ , ١٢)..... $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij}$, $i= 1.....D,$ $j= 1........n,$

حيث تمثل Y_{ij} المشاهدة (الصفة المراد تقدير المكافئ الوراثي لها)، μ= المتوسط العام للعشيرة، α= التأثير العشوائي للأب في حالة النموذج الأبوي Sire model بينما تمثل

α التأثير العشوائي للأم في حالة النموذج الأمي Dam Model، S = عدد الطلائق، D = عدد الأمهات، e_{ij} = الانحرافات البيئية والوراثية غير المتحكم فيها والمنسوبة لأفراد الأب الواحد في حالة النموذج الأبوي أو المنسوبة لأفراد الأم الواحدة في حالة النموذج الأمي وقد افترض أن كافةً هذه التأثيرات عشوائية وتتوزع طبيعياً ومستقلة ومتوسطها المتوقع يساوي صفراً.

وطبقاً للنموذج الأبوي فإن جدول تحليل التباين أحادى الاتجاه One-way ANOVA يمكن توضيحه في الجدول رقم (١٢,٥).

الجدول رقم (١٢,٥). تحليل التباين أحادى الاتجاه طبقا للنموذج الأبوي لتقدير مكونات التباين والمكافئ الوراثي.

مصدر التباين	درجات الحرية DF	مجموع المربعات Sum squares (SS)	متوسط المربعات Mean squares (MS)	متوسط المربعات المتوقعة Expected mean squares (EMS)
بين الطلائق Between sires	S-1	SS_S	MS_S	$\sigma^2 e + k\sigma^2_S$
بين النسل داخل الطلائق Progeny within sires	n.- S	SS_e	MSe	$\sigma^2 e$

$$\sigma_e^2 = MS_e \qquad (١٢,٢١)$$

$$\sigma_S^2 = \frac{(MS_S - MS_e)}{K} \qquad (١٢,٢٢)$$

حيث : S = عدد الطلائق، .n = العدد الكلي للنسل، K = عامل الوزن للتباين الأبوي وهو يمثل عدد الأفراد لكل طلوقة.

وعند استخدام النموذج الأمي Dam model فإن جدول تحليل التباين أحادى الاتجاه One-way ANOVA يمكن توضيحه في الجدول رقم (١٢,٦).

الجدول رقم (٦ ,١٢). تحليل التباين أحادى الاتجاه طبقا للنموذج الأمي لتقدير مكونات التباين والمكافئ الوراثي.

مصدر التباين	درجات الحرية DF	مجموع المربعات (SS)	متوسط المربعات (MS)	متوسط المربعات المتوقعة (EMS)
بين الأمهات Between dams	D-1	SS_D	MS_D	$\sigma^2e+k\sigma^2_D$
بين النسل داخل الأمهات Progeny within dams	n.- D	SS_e	MSe	σ^2e

$$\sigma_e^2 = MS_e \quad \text{.....................(١٢,٢٣)}$$

$$\sigma_D^2 = \frac{(MS_D - MS_e)}{K} \quad \text{...............(١٢,٢٤)}$$

حيث : D = عدد الأمهات، .n = العدد الكلي للنسل،K = عامل الوزن للتباين الأمي وهو يمثل عدد الأفراد لكل أم.

(١٢,٧,١,٢) النموذج الوراثي

من المعلوم أن التباين الأبوي (σ^2_S) ما هو إلا نتيجة وجود فروق حقيقية بين الآباء، ولما كانت هذه المجاميع تتكون أصلاً من إخوة أنصاف أشقاء أبوية (Paternal Half-Sibs, PHS) وعليه فإن التباين الأبوي يعادل التغاير بين أخوات أنصاف الأشقاء الأبوية، ويمكن توضيح المكونات الوراثية للنموذج الأبوي في الجدول رقم (١٢,٧). كذلك فإن المكونات الوراثية للنموذج الأمي يمكن توضيحه في الجدول رقم (١٢,٨).

الجدول رقم (١٢,٧). المكونات الوراثية للنموذج الأبوي لتقدير المكافئ الوراثي.

مكون التباين	التغاير الوراثي	σ^2_A	σ^2_D	σ^2_{AA}	σ^2_{AD}	σ^2_{DD}	σ^2_{AAA}	σ^2_E
σ^2_S	Cov_{PHS}	¼	0	1/16	0	0	1/64	0
σ^2_e	$\sigma^2_P - Cov_{PHS}$	¾	1	15/16	1	1	63/64	1

حيث Cov_{PHS} = التغاير الوراثي بين أخوات أنصاف الأشقاء الأبوية، σ^2_P= التباين المظهري الكلي للصفة.

الجدول رقم (١٢,٨). المكونات الوراثية للنموذج الأمي لتقدير المكافئ الوراثي.

مكون التباين	التغاير الوراثي	σ^2_A	σ^2_D	σ^2_{AA}	σ^2_{AD}	σ^2_{DD}	σ^2_{AAA}	σ^2_M	σ^2_E
σ^2_D	Cov_{MHS}	¼	0	1/16	0	0	1/64	1	0
σ^2_e	$\sigma^2_P - Cov_{MHS}$	¾	1	15/16	1	1	63/64	0	1

حيث Cov_{MHS} = التغاير الوراثي بين أخوات أنصاف الأشقاء الأمية، σ^2_M = التباين الأمي للصفة. ويلاحظ أن التباين المحسوب من المكون الأمي يحتوي على كل التأثيرات الأمية Maternal effects بالإضافة إلى التباين التجمعي وجزء من التباين التفوقي.

(١٢,٧,١,٣) الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين

يوضح الجدول رقم (١٢,٩) الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المكافئ الوراثي في حالة النموذج الأبوي، بينما يوضح الجدول رقم (١٢,١٠) الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المكافئ الوراثي في حالة النموذج الأمي.

الجدول رقم (٩ ,١٢). الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المكافئ الوراثي في حالة النموذج الأبوي.

مصدر التباين Source of variation	DF	مجموع المربعات Sum squares (SS)	متوسط المربعات Mean squares (MS)
معامل التصحيح Correction term (CT)		$CT = \frac{Y_{.}^2}{n_{.}}$	
بين الطلائق Between sires	S-1	$SS_S = \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}} - CT$	$MS_S = \frac{SS_S}{S-1}$
بين النسل داخل الطلائق Progeny within sires	n.-S	$SS_e = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}}$ $\therefore SS_e = SS_{Total} - SS_S$	$MS_e = \frac{SS_e}{n.-S}$
Total	n.-1	$SS_{Total} = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - CT$	

الجدول رقم (١٠ ,١٢). الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المكافئ الوراثي في حالة النموذج الأمي.

مصدر التباين **Source of variation**	**DF**	مجموع المربعات **Sum squares (SS)**	متوسط المربعات **Mean squares (MS)**
معامل التصحيح Correction term (CT)		$CT = \frac{Y_{.}^2}{n_{.}}$	
بين الأمهات Between dams	D-1	$SS_D = \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}} - CT$	$MS_D = \frac{SS_D}{D-1}$
بين النسل داخل الأمهات Progeny within dams	n.-D	$SS_e = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}}$ $\therefore SS_e = SS_{Total} - SS_D$	$MS_e = \frac{SS_e}{n.-D}$
Total	n.-1	$SS_{Total} = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - CT$	

(١٢,٧,١,٤) تقدير مكونات التباين وحساب المكافئ الوراثي

في حالة النموذج الأبوي تقدر مكونات التباين من الجدول رقم (١٢,٩) كما يلي :

$$\sigma_e^2 = MS_e \quad (١٢,٢٥)$$

$$\sigma_S^2 = \frac{(MS_S - MS_e)}{K} \quad (١٢,٢٦)$$

كذلك في حالة النموذج الأمي تقدر مكونات التباين من الجدول رقم (١٢,١٠) كما يلي :

$$\sigma_e^2 = MS_e \quad (١٢,٢٧)$$

$$\sigma_D^2 = \frac{(MS_D - MS_e)}{K} \quad (١٢,٢٨)$$

ويقدر التباين الوراثي σ^2_G والتباين المظهري σ^2_P والمكافئ الوراثي (مع افتراض أن التأثيرات المرتبطة بالجنس تساوي صفرا) كما يلي:

أ) في حاله أنصاف الأشقاء الأبوية

يقدر التباين الوراثي σ^2_G والتباين المظهري σ^2_P كما يلي :

$$\sigma^2_G = 4\sigma^2_S = 4Cov_{PHS} \quad (١٢,٢٩)$$

$$\sigma^2_P = \sigma^2_S + \sigma^2_e \quad (١٢,٣٠)$$

ويقدر المكافئ الوراثي من المكون الأبوي باستخدام المعادلة الآتية :

$$h_S^2 = \frac{4\sigma_S^2}{(\sigma_S^2 + \sigma_e^2)} \quad (١٢,٣١)$$

والمكافئ الوراثي المحسوب من النموذج الأبوي يحتوي علي :

$$h^2_S = \sigma^2_A + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/16\sigma^2_{AAA} + ... \quad (١٢,٣٢)$$

ب) في حالة أنصاف الأشقاء الأمية :

يقدر التباين الوراثي σ^2_G والتباين المظهري σ^2_P كما يلي :

(١٢,٣٣)................. $\sigma^2_G = 4\sigma^2_D = 4Cov_{MHS}$

(١٢,٣٤).................... $\sigma^2_P = \sigma^2_D + \sigma^2_e$

ويقدر المكافئ الوراثي من المكون الأمي باستخدام المعادلة الآتية :

(١٢,٣٥).................... $$h^2_D = \frac{4\sigma^2_D}{(\sigma^2_D + \sigma^2_e)}$$

والمكافئ الوراثي المحسوب من النموذج الأمي يحتوي على :

(١٢,٣٦)......... $h^2_D = \sigma^2_A + \frac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/16\sigma^2_{AAA} + ... + 4\sigma^2_M$

(١٢,٧,١,٥) حساب الخطأ القياسي للمكافئ الوراثي

يقدر الخطأ القياسي (Standard Error, SE) للمكافئ الوراثي طبقا لمعادلة بيكر (Becker,1984) كما يلي :

أ) في حاله أنصاف الأشقاء الأبوية (النموذج الأبوي) :

(١٢,٣٧).... $$SE(h^2_S) \cong 4\sqrt{\frac{2(1-t_S)^2[1+(K-1)t_S]^2}{K(K-1)(S-1)}}$$

حيث إن t_s هي قيمة معامل الارتباط داخل الطلائق Sire interaction correlation وتحسب كالتالي :

(١٢,٣٨)............... $$t_S = \frac{\sigma^2_S}{(\sigma^2_S + \sigma^2_e)}$$

ب) في حالة أنصاف الأشقاء الأمية (النموذج الأمي) :

(١٢,٣٩).... $$SE(h^2_D) \cong 4\sqrt{\frac{2(1-t_D)^2[1+(K-1)t_D]^2}{K(K-1)(D-1)}}$$

حيث إن t_D هي قيمة معامل الارتباط داخل الأمهات Dam intraclass correlation وتحسب كالتالي:

$$t_D = \frac{\sigma_D^2}{(\sigma_D^2 + \sigma_e^2)} \quad (١٢,٤٠)$$

(٦, ١, ٧, ١٢) مثال محلول لتقدير المكافئ الوراثي من النموذج الأبوي لتصميم متزن

في قطيع كبير من ماشية اللحم وغير مربى داخلياً تم اختيار ٤٠ طلوقة وكل طلوقة تزاوجت مع ثمانية من الإناث فأعطى كل تزاوج عجلاً واحداً. وتم اختيار خمس عائلات للطلائق Sire families عشوائياً وسجلت أوزان الجسم عند النضج الجنسي بالرطل للعجول الذكور كما هو موضح لاحقاً والمطلوب إيجاد مكونات التباين والمكافئ الوراثي من هذا النموذج الأبوي.

	الطلائق 1	2	3	4	5	Total
	687	618	618	600	717	
	691	680	687	657	658	
	793	592	763	669	674	
	675	683	747	606	611	
	700	631	678	718	678	
	753	691	737	693	788	
	704	694	731	669	650	
	717	732	603	648	690	
n_i	8	8	8	8	8	n.= 40
Yi.	5720	5321	5564	5260	5466	Y..= 27331
$\frac{(Y_{i.})^2}{n_i}$	4089800	3539130	3869762	3458450	3734644	$\sum(Yi.)^2/n_i$ = 18691794
$\sum Y^2_{ij}$						$\sum Y^2_{ij}$= 18773473

١ - تكوين جدول تحليل التباين :

حساب معامل التصحيح (**CT**) :

$$CT = Y^2_{..} / n_. = (27331)^2 / 40 = 18674589$$

حساب مجموع المربعات الكلية (SS_{Total}) :

$$SS_{Total} = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - CT$$

$$SS_{Total} = 18773473 - 18674589 = 98884$$

حساب مجموع المربعات للطلائق (SS_S):

$$SS_S = \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}} - CT$$

$$= \{[(5720)^2 + \ldots\ldots\ldots\ldots + (5466)^2]/8\} - 18674589$$

$$= 18691794 - 18674589 = 17205$$

حساب مجموع مربعات النسل داخل الطلائق أو الخطأ العشوائي (SS_e) :

$$SS_e = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}} = 18773473 - 18691794 = 81679$$

أو يمكن حسابه باستخدام الصيغة التالية :

$$SS_e = [SS_{Total} - SS_S] = 98884 - 17205 = 81679$$

وعليه فإن جدول تحليل التباين ANOVA لصفة وزن الجسم عند النضج الجنسي عند استخدام النموذج الأبوي لتصميم متزن يكون كما يلي :

مصدر التباين	DF	SS	MS	EMS
بين الطلائق Between sires	5-1= 4	17197	4299	$\sigma^2 e + 8\sigma^2_S$
بين النسل داخل الطلائق Progeny within sires	40–5 = 35	81679	2334	$\sigma^2 e$

تقدير مكونات التباين وحساب المكافئ الوراثي من النموذج الأبوي :

$$\sigma^2_e = MS_e = 2334$$

$$\sigma^2_S = \frac{(MS_S - MS_e)}{K} = (4299 - 2334) / 8 = 245.6$$

$$h^2_S = \frac{4\sigma^2_S}{(\sigma^2_S + \sigma^2_e)} = 4(245.6) / (245.6 + 2334) = 0.38$$

حساب معامل الارتباط داخل الطلائق (t_S) :

$$t_S = \frac{\sigma^2_S}{(\sigma^2_S + \sigma^2_e)} = (245.6) / (245.6 + 2334) = 0.095$$

حساب الخطأ القياسي (SE) للمكافئ الوراثي:

$$SE(h^2_S) \cong 4\sqrt{\frac{2(1-t_S)^2[1+(K-1)t_S]^2}{K(K-1)(S-1)}}$$

$$= 4\sqrt{\frac{2\ (1-0.095)^2[1+\ (8-1)\ 0.095]^2}{8(8-1)(5-1)}} = 0.57$$

ويلاحظ من قيمة المكافئ الوراثي (0.38 ± 0.57) أن حجم الخطأ القياسي كبير نسبيا ويعود السبب في ذلك إلى استعمال عدد قليل جدا من الطلائق (خمسه فقط) في هذا المثال.

تمرين : ورد عن Van Vleck 1993 في كتابه أن البيانات التالية لصفة ما تمثل ١٠ طلائق وكل طلوقة تزاوجت مع اثنين من الإناث ونتج نسل واحد من كل أنثى (نموذج أبوي Sire model). احسب قيمة المكافئ الوراثي والخطأ القياسي له ؟

أداء النسل (Y)	الطلوقة (i)	أداء النسل (Y)	الطلوقة (i)
148	6	172	1
173	6	175	1
169	7	142	2
145	7	159	2
184	8	148	3
176	8	164	3
169	9	157	4
105	9	166	4
162	10	144	5
169	10	113	5

(١٢,٧,٢) تقدير مكونات التباين والمكافئ الوراثي من تحليل التباين أحادي الاتجاه لتصميم غير متزن One-Way ANOVA of Unbalanced Design

(١٢,٧,٢,١) اختلافات التصميم المتزن عن التصميم غير المتزن :

وفي هذا التصميم يكون عدد النسل لكل أب غير متساوي Unequal number of progeny per sire group. ولا يختلف التحليل الإحصائي لمثل هذه البيانات عن التحليل في حالة تساوي أعداد النسل للآباء السابق ذكره إلا في تقدير قيمةK (أي عامل وزن التباين الأبوي) وتحسب كما يلي :

في حالة النموذج الأبوي Sire Model :

$$K = \frac{1}{df_{sire}}\left[n. - \frac{\sum n_i^2}{n.}\right] = \frac{1}{S-1}\left[n. - \frac{\sum n_i^2}{n.}\right] \quad \text{......(١٢,٤١)}$$

في حالة النموذج الأمي Dam Model:

$$K = \frac{1}{df_{Dams}}\left[n. - \frac{\sum n_i^2}{n.}\right] = \frac{1}{D-1}\left[n. - \frac{\sum n_i^2}{n.}\right] \quad \text{......(١٢,٤٢)}$$

كذلك فإن قيمة الخطأ القياسي للمكافئ الوراثي المحسوب هنا يختلف عما سبق حسابه في حالة التصميم المتزن حيث يحسب هنا باستخدام معادلة Swiger وآخرون (Swiger et al, 1964):

$$SE(h_S^2) \cong 4\sqrt{\frac{2(n.-1)(1-t_S)^2[1+(K-1)t_S]^2}{K^2(n.-S)(S-1)}} \quad \text{...(١٢,٤٣)}$$

(١٢,٧,٢,٢) مثال محلول لتقدير المكافئ الوراثي من النموذج الأبوي لتصميم غير متزن

في إحدى سلالات الأغنام تم توزيع ثمانية كباش بالغة لتلقيح ثمانية مجاميع من النعاج والبيانات التالية تمثل وزن الحملان عند الولادة (بالكيلو جرام) الناتجة من هذا التزواج وذلك بعد استبعاد التأثيرات البيئية المعروفة كافةً وذلك بتعديل البيانات لهذه التأثيرات وأصبحت المشاهدات الموجودة في الجدول اللاحق قابلة لإيجاد مكونات التباين وحساب المكافئ الوراثي من المكون الأبوي.

Item	Rams الكباش								Total
	1	2	3	4	5	6	7	8	
	4.3	4.1	5.1	3.7	4.1	3.9	4.2	3.8	
	4.5	4.0	5.3	3.6	4.1	5.1	4.1	3.7	
	4.1	4.4	4.9	4.8	4.3	5.2	4.5	4.4	
	4.5	4.2	4.8	4.7	4.2	4.6	4.7	4.1	
	4.6	3.7	4.6	4.1	4.5	4.3	4.5	4.7	
	4.7	4.1	4.4	4.5	4.2	4.2	4.7	4.6	
	5.1	3.6	4.9	4.4	4.1	4.7	4.6	4.5	
	5.0	3.9	4.1	5.2	4.3	4.4	4.7	4.3	
	4.9	4.3	4.0	3.7	4.4	5.1	3.9	4.1	
	4.8	4.2	4.5	3.9	4.1	4.6	3.7	4.0	
	4.1	4.2	4.4	4.6	4.5	4.8	4.1	4.1	
	4.9	4.1	4.6	4.8	4.3	4.4	4.0	4.2	
	4.7	4.3	4.8	3.7	4.1	4.3	4.3	4.3	
	4.3	3.7	4.9	5.1	4.3	4.5	4.6	5.1	
	5.2	5.1	4.3	5.2	4.1	3.9	4.7	5.3	
	5.3	4.1	4.7	4.4	4.2		3.7	4.7	
	5.1	4.2	4.6		4.6			3.7	
	4.1	4.3			4.2			4.2	
	4.3				4.3				
	4.3				4.1				
$n_{i\cdot}$	20	18	17	16	20	15	16	18	n.=140
Yi.	92.8	74.5	78.9	70.4	85.0	68.0	69.0	77.8	Y..= 616
$\frac{Y_{i.}^2}{n_i}$	431	308	366	310	361	308	298	336	$\sum_i \frac{Y_{i.}^2}{n_i}$ =2718
X^2_{ij}	433	310	368	314	362	310	299	339	$\sum_i \sum_j Y_{ij}^2$= 2737

تكوين جدول تحليل التباين :

حساب معامل التصحيح (CT) :

$$CT = Y^2.. /n. = (616)^2 /140 = 2710$$

حساب مجموع المربعات الكلية (SS_{Total}) :

$$SS_{Total} = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - CT = 2737 - 2710 = 27$$

حساب مجموع المربعات للكباش (SS_S):

$$SS_S = \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{n_{i.}} - CT$$

$$SS_S = [((92.8)^2/20)+...........+((77.8)^2/18)] - 2710 = 2718-2710 = 8$$

حساب مجموع مربعات الحملان داخل الكباش أو الخطأ العشوائي (SS_e) :

$$SS_e = SS_{Total} - SS_S = 27 - 8 = 19$$

وعليه فإن جدول تحليل التباين ANOVA لصفة وزن الميلاد للحملان عند استخدام النموذج الأبوي لتصميم غير متزن يكون:

مصدر التباين	DF	SS	MS	EMS
Between rams بين الكباش	7	8	1.14	$\sigma^2 e + k\,^2{}_s$
بين الحملان داخل الكباش Progeny within rams	132	19	0.144	$\sigma^2 e$

وقيمة K في الجدول السابق تمثل متوسط عدد الحملان لكل كبش وتحسب كالآتي:

$$K = \frac{1}{df_{sire}}\left[n. - \frac{\sum n_i{}^2}{n.}\right] = \frac{1}{S-1}\left[n. - \frac{\sum n_i{}^2}{n.}\right]$$

$$= \frac{1}{7}[140 - \frac{(20^2 + ... + 18^2)}{140}] = 17.475$$

ومن ثم فإن مكونات التباين والمكافئ الوراثي يمكن حسابها من النموذج الأبوي لتصميم غير متزن كما يلي :

$$\sigma_e^2 = MS_e = 0.144$$

$$\sigma_S^2 = \frac{(MS_S - MS_e)}{K} = [1.14 - 0.144]/17.475 = 0.056$$

$$h_S^2 = \frac{4\sigma_S^2}{(\sigma_S^2 + \sigma_e^2)} = 4(0.056)/(0.056 + 0.144) = 1.12$$

حساب معامل الارتباط داخل الكباش (t_S) :

$$t_S = \frac{\sigma_S^2}{(\sigma_S^2 + \sigma_e^2)} = (0.056)/(0.056 + 0.144) = 0.28$$

حساب الخطأ القياسي (SE) للمكافئ الوراثي :

$$SE(h_S^2) \cong 4\sqrt{\frac{2(n_. - 1)(1 - t_S)^2[1 + (K-1)t_S]^2}{K^2(n.-S)(S-1)}}$$

$$\cong 4\sqrt{\frac{2\,(140-1)(1-0.28)^2[1 + (17.475-1)\,0.28]^2}{(17.475)^2(140-8)(8-1)}} \cong 0.13$$

وقيمة الخطأ القياسي للمكافئ الوراثي المتحصل عليه بهذه المعادلة هي القيمة المتحصل عليها نفسها بأسلوب Becker, 1984. ويلاحظ هنا أن قيمة المكافئ الوراثي لصفة وزن الميلاد للحملان (1.12 ± 0.13) عالية جدا وأكثر مما هو متوقع عموما لهذه الصفة وقد يعود السبب في ذلك إلى زيادة تجانس المشاهدات داخل كل مجموعة من مجاميع النسل وكذلك التعديل الدقيق للعوامل البيئية مما جعل تباين الخطأ صغيراً جدا نسبيا.

(١٢, ٨) تقدير مكونات التباين والمكافئ الوراثي للتصميم ثنائي الاتجاه المتشعب

Nested Design

يتم في هذا التصميم تزاوج الأب مع عدة أمهات وينتج عن كل تزاوج عده أفراد من النسل. ويكون التحليل الإحصائي جائزاً تحت بعض الافتراضات Assumptions ومنها أن يكون أفراد العشيرة غير مربين داخليا وأن يكون التلقيح فيها بصورة عشوائية. وقد توجد طرز Lines مرباة تربية داخلية في هذه العشيرة ولكن لا يمارس فيها الانتخاب بين

الطرز وداخل كل طرز. وقد تلقح هذه الطرز بعضها البعض (الطرز الأبوية X الطرز الأمية) وتعزى تقديرات المعالم الوراثية إلى القاعدة الأساسية للعشيرة غير المرباة داخليا. ويفترض في هذه التصميم المتشعب (الكنائسي) بأن الأفراد قد تم اختيارها عشوائيا من العشيرة المعنية وأن قيمة معامل التربية الداخلية (F) يساوي صفرا.

(١٢,٨,١) النموذج الإحصائي Statistical Model

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{ij} + e_{ijk}$$

(١٢,٤٤)………. $i= 1 \ldots S; \quad j= 1 \ldots D; \quad k=1 \ldots n$

حيث إن :

Y_{ijk}= سجل النسل **k** المنتج من الأم **j** التي تزاوجت مع الأب **i**،

μ = المتوسط العام.

α_i = التأثير العشوائي للأب **i** .

β_{ij}= التأثير العشوائي للأم j التي لقحت من قبل الأب **i**.

e_{ijk}= الانحرافات البيئية والوراثية غير المتحكم فيها والتي تعزى للاختلافات بين الأفراد داخل الآباء وقد افترض أن هذه التأثيرات عشوائية وتتوزع طبيعياً ومستقلة بعضها عن البعض الأخر مع توقع أن يكون متوسطها يساوي صفراً NID $(0, \sigma^2_e)$.

وطبقاً لهذا النموذج الإحصائي فإن جدول تحليل التباين لهذا التصميم يمكن توضيحه في الجدول رقم (١٢,١١).

الجدول رقم (١٢,١١). جدول تحليل التباين للتصميم المتشعب لتقدير مكونات التباين والمكافئ الوراثي.

مصدر التباين	DF	مجموع المربعات SS	متوسط المربعات MS	متوسط المربعات المتوقعة EMS
بين الطلائق Between Sires	S – 1	SS_S	MS_S	$\sigma^2_e + k_2\sigma^2_D + k_3\sigma^2_S$
بين الأمهات داخل الطلائق Between dams within sires	D – S	SS_D	MS_D	$\sigma^2_e + k_1\sigma^2_D$
النسل داخل الأمهات داخل الطلائق Progeny within dams within sires	n..- D	SS_e	MS_e	σ^2_e

S = عدد الطلائق، D = العدد الكلي للأمهات، ..n = العدد الكلي للنسل، K_1 = عدد النسل لكل أم، K_2 = عدد الأمهات لكل طلوقة، K_3 = عدد النسل لكل طلوقة.

(١٢, ٨, ٢) النموذج الوراثي Genetic Model

إن مكون التباين الأبوي (σ^2_S) يشير إلى الاختلافات بين مجاميع الطلائق Sire groups. وهذه المجاميع تحتوي على إخوة أنصاف أشقاء Half-sibs وبالتالي فإن (σ^2_S) هي عبارة عن تغاير وراثي بين أخوات أنصاف الأشقاء. أما مكون التباين الأمي (σ^2_S) فهو مشتق من الفروق بين مجاميع الأمهات Dam groups وهذه المجاميع تحتوي على إخوة أشقاء Full-sibs، وعليه يكون هذا المكون عبارة عن تغاير وراثي بين أخوات الأشقاء مطروح منه تغاير أخوات أنصاف الأشقاء الأبوية وذلك لأن تأثير الطلوقة (الأب) قد أزيل في تحليل التباين. لذا فإن :

$$\sigma^2_S + \sigma^2_D = Cov_{FS} \quad (١٢ , ٤٥)$$

$$\sigma^2_S = Cov_{PHS} \quad (١٢ , ٤٦)$$

$$\sigma^2_D = Cov_{FS} - Cov_{PHS} \quad (١٢ , ٤٧)$$

$$\sigma^2_e = \sigma^2_P - Cov_{FS} \quad (١٢ , ٤٨)$$

وبالتالي يمكن توضيح مكونات النموذج الوراثي للتصميم المتشعب في الجدول رقم (١٢ , ١٢).

الجدول رقم (١٢ ,١٢). المكونات الوراثية للتصميم المتشعب لتقدير المكافئ الوراثي.

مكون التباين	التغاير الوراثي Covariance	σ^2_A	σ^2_D	σ^2_{AA}	σ^2_{AD}	σ^2_{DD}	σ^2_{AAA}	σ^2_M	σ^2_E
$\sigma^2_S+\sigma^2_D$	Cov_{FS}	½	¼	¼	1/8	1/16	1/8	1	0
σ^2_S	Cov_{PHS}	¼	0	1/16	0	0	1/64	0	0
σ^2_D	$Cov_{FS}-Cov_{PHS}$	¼	¼	3/16	1/8	1/16	7/64	1	0
σ^2_e	$\sigma^2_P - Cov_{FS}$	½	¾	¾	7/8	15/16	7/8	0	1

ويلاحظ هنا أن التباين الأمي σ^2_D يحتوي على كل تباين التأثير الأمي σ^2_M وهذا التباين الأمي يظهر دوره بوضوح في الأعمار المبكرة للحيوان.

(١٢,٨,٣) الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين

يوضح الجدول رقم (١٢,١٣) الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المكافئ الوراثي في حالة التصميم المتشعب.

الجدول رقم (١٢,١٣). الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المكافئ الوراثي في حالة التصميم المتشعب.

مصدر التباين **Source of variation**	**DF**	مجموع المربعات **SS**	متوسط المربعات **MS**
معامل التصحيح Correction term		$CT = \frac{Y_{..}^2}{n_.}$	
بين الطلائق Between sires	S-1	$SS_S = \frac{\sum_i Y_{i..}^2}{n_{i..}} - CT$	$MS_S = \frac{SS_S}{S-1}$
بين الأمهات داخل الطلائق Dams within sires	D-S	$SS_D = \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij.}^2}{n_{ij.}} - \frac{\sum_i Y_{i..}^2}{n_{i..}}$	$MS_D = \frac{SS_D}{D-S}$
النسل داخل الأمهات داخل الطلائق Progeny within dams within sires	n...-D	$SS_e = \sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}^2 - [\frac{\sum_i \sum_j Y_{ij.}^2}{n_{ij.}}]$ $SS_e = SS_{Total} - SS_S - SS_D$	$MS_e = \frac{SS_e}{n...-D}$
Total	n...-1	$SS_{Total} = \sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}^2 - CT$	

وتقدر مكونات التباين بالمعادلات الآتية :

$$\sigma_e^2 = MS_e \quad (١٢,٤٩)$$

$$\sigma_D^2 = \frac{[MS_D - MS_e]}{K_1} \quad (١٢,٥٠)$$

$$\sigma_S^2 = \frac{[MS_S - (MS_e + K_2 MS_D)]}{K_3} \quad (١٢,٥١)$$

وفي حالة تساوي الأعداد تكون $K_1=K_2$ أي أن عدد النسل لكل أم يساوي عدد الأمهات لكل طلوقة ومن ثم فإن التباين من المكون الأبوي يكون :

$$\sigma_S^2 = \frac{[MS_S - MS_D)]}{K_3} \quad (١٢,٥٢)$$

وتقسم التباينات الوراثية والمظهرية والبيئية المقدرة هنا (مع افتراض أن التأثيرات المرتبطة بالجنس ومعامل التربية الداخلية F = صفر) إلى:

١ - التباين الوراثي المحسوب من المكون الأبوي

$$(\sigma^2_G)_S = 4\sigma^2_S = 4Cov_{PHS} \quad (١٢,٥٣)$$

والتباين الوراثي المحسوب من المكون الأبوي يحتوي علي :

$$\sigma^2_S = \sigma^2_A + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AA} + 1/16\sigma^2_{AAA} + ... \quad (١٢,٥٤)$$

٢- التباين الوراثي المحسوب من المكون الأمي

$$(\sigma^2_G)_D = 4\sigma^2_D = 4\,(Cov_{FS} - Cov_{PHS}) \quad (١٢,٥٥)$$

والتباين الوراثي المحسوب من المكون الأمي يحتوي على :

$$\sigma^2_D = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \tfrac{3}{4}\sigma^2_{AA} + \tfrac{1}{2}\sigma^2_{AD} + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{DD} + 7/16\sigma^2_{AAA} + 4\sigma^2_M + ... \quad (١٢,٥٦)$$

٣- التباين الوراثي المحسوب من المكون الأبوي والأمي معا

$$(\sigma^2_G)_{S+D} = 2(\sigma^2_S + \sigma^2_D) = 2\,Cov_{FS} \quad (١٢,٥٧)$$

والتباين الوراثي المحسوب من المكون الأبوي والأمي معاً يحتوي على:

$$\sigma^2_S + \sigma^2_D = \sigma^2_A + \tfrac{1}{2}\sigma^2_D + \tfrac{1}{2}\sigma^2_{AA} + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AD} + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{DD} + \tfrac{1}{4}\sigma^2_{AAA} + 2\sigma^2_M + \quad ...(١٢,٥٨)$$

٤- التباين المتبقي σ^2_e (وراثي + بيئي)

والتباين المتبقي σ^2_e يحتوي علي:

$$\sigma^2_e = \tfrac{1}{2}\sigma^2_A + \tfrac{3}{4}\sigma^2_D + \tfrac{3}{4}\sigma^2_{AA} + 7/8\sigma^2_{AD} + 15/16\sigma^2_{DD} + 7/8\sigma^2_{AAA} + ... + \sigma^2_E \quad ....(١٢,٥٩)$$

٥- التباين المظهري الكلي σ^2_P يكون

$$\sigma^2_P = \sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e \quad ....(١٢,٦٠)$$

(١٢,٨,٤) تقدير المكافئ الوراثي

أ) حساب المكافئ الوراثي من المكون الأبوي (h^2_S)

$$h^2_S = \frac{4\sigma^2_S}{(\sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e)} \quad ....(١٢,٦١)$$

$$t_S = \frac{\sigma^2_S}{(\sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e)} \quad ....(١٢,٦٢)$$

وهذا المكافئ كما يتضح سابقا أنه يحتوي على كل التباين التجمعي + جزء من التباين التفوقي في بسط معادلة حسابه.

ب) حساب المكافئ الوراثي من المكون الأمي(h^2_D)

$$h^2_D = \frac{4\sigma^2_D}{(\sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e)} \quad ....(١٢,٦٣)$$

وهذا المكافئ كما يتضح سابقا أنه يحتوي على أربعة أضعاف تأثيرات الأمومة Maternal effects (σ^2) وكل التباين التجمعي + كل التباين السيادي + جزء من التباين التفوقي في بسط معادلة حسابه.

ج) حساب المكافئ الوراثي من المكون الأبوي والأمي معا (h^2_{S+D}):

$$h^2_{S+D} = \frac{2(\sigma^2_S + \sigma^2_D)}{(\sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e)} \quad .... (١٢,٦٤)$$

وهذا التقدير مبني على أساس تغاير أخوات شقيقات ويحتوي على كل التباين التجمعي + ضعف التأثيرات الأمية + نصف التباين السيادي + جزء من التباين التفوقي في بسط معادلة حسابه.

وأخيراً فإن تقديرات المكافئ الوراثي يمكن الحصول عليها من التجارب التي تحتوى على أمهات ذات قرابة بينها Related dams ويمكن مراجعة Van Vleck 1993 في هذا المضمون. وكذلك في حالة وجود القرابة والتربية الداخلية بين الأفراد Inbred and related individuals ويمكن مراجعة Mrode ، Boldmann et al 1995، Van Vleck 1993 1996 في هذا المضمون.

(١٢,٨,٥) مثال محلول لتقدير المكافئ الوراثي من التصميم المتشعب

في قطيع كبير من غير مربى داخليا من الأرانب جرى اختيار مجموعة من الذكور بصورة عشوائية وكل ذكر لقح ثلاثة أمهات وكل أم أنتجت مجموعة من النسل تم اختيار عشوائياً ثلاثة من النسل. وتم تسجيل وزن الجسم لهذا الإنتاج عند عمر ثمانية أسابيع (بالجرام). ثم اختيرت خمسه تزاوجات أبوية Sire matings بصورة عشوائية وجرى تحليل أوزان أفراد النسل إحصائياً. والمطلوب تقدير التباينات الوراثية والمظهرية لوزن الجسم وحساب المكافئ الوراثي من المعلومات والبيانات التالية :

الطلائق Sires S_i	الأمهات Dams D_{ij}	أوزان النسل Y_{ijk}			مجموع أوزان نسل الأمهات $Y_{ij.}$	مجموع أوزان نسل الطلائق $Y_{i..}$
1	1	965	813	765	2543	
	2	803	640	714	2157	
	3	644	753	705	2102	
						6802
2	4	740	798	941	2479	
	5	701	847	909	2457	
	6	909	800	853	2562	
						7498
3	7	696	807	800	2303	
	8	752	863	739	2354	
	9	686	832	796	2314	
						6971
4	10	979	798	788	2565	
	11	905	880	770	2555	
	12	797	721	765	2283	
						7403
5	13	809	756	775	2340	
	14	887	935	937	2759	
	15	872	811	925	2608	
						7707
				$Y_{...} = 36381$		
				$\sum\sum\sum_{ijk} Y^2_{ijk} = 29729879$		

حيث عدد الطلائق (S) =٥ ، عدد الأمهات الكلي (D) = ١٥، عدد النسل لكل أم (n_{ij}) = ٣ وهى قيمة K_1 ، عدد النسل لكل طلوقة ($n_{i.}$) = ٩ وهى قيمة K_3 ، عدد الأمهات لكل طلوقة ($n_{.j}$) = ٣ وهى قيمة K_2 ، وعدد النسل الكلي ($n_{..}$) = ٤٥ فرد.

١- تكوين جدول تحليل التباين

حساب معامل التصحيح (**CT**) :

$$CT = \frac{Y_{..}^2}{n_{..}} = \frac{(36381)^2}{45} = 29412825$$

حساب مجموع المربعات الكلية (SS_{Total}) :

$$SS_{Total} = \sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}^2 - CT = 29729879 - 29412825 = 317054$$

حساب مجموع المربعات للطلائق (SS_S):

$$SS_S = \frac{\sum_i Y_{i..}^2}{n_{i..}} - CT =$$

$$\{[(6802)^2 + ...+(7707)^2]/9\} - 29412825$$

$$= 29476034 - 29412825 = 63209$$

حساب مجموع المربعات للأمهات داخل الطلائق ($SS_{D:S}$):

$$SS_D = \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}^2}{n_{ij.}} - \frac{\sum_i Y_{i..}^2}{n_{i..}} =$$

$$\{[(2543)^2 + ...+(2608)^2]/3\} - 29476034$$

$$= 29564147 - 29476034 = 88113$$

حساب مجموع المربعات للنسل داخل الأمهات داخل الطلائق أو الخطأ العشوائي (**SSe**):

$$SS_e = \sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}^2 - [\frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}^2}{n_{ij.}}] =$$

$$29729879 - 29564147 = 165732$$

أو يمكن حسابه باستخدام الصيغة التالية :

$$SSe = [\ SS_{Total}\ -\ SS_S - SS_D] = 317054 - 63209 - 88113 = 165732$$

وعليه فإن جدول تحليل التباين ANOVA لصفة وزن الجسم عند عمر ثمانية أسابيع عند استخدام النموذج الأبوي-الأمي Sire-dam Model لتصميم متزن يكون كما يلي :

مصدر التباين	DF	SS	MS	EMS
بين الطلائق	4 = 5-1	63209	15802	$\sigma^2_e + 3\sigma^2_D + 9\sigma^2_S$
بين الأمهات داخل الطلائق	10 = 5 – 15	88113	8811	$\sigma^2_e + 3\sigma^2_D$
بين النسل داخل الأمهات داخل الطلائق	30 = 15 – 45	165732	5524	σ^2_e
Total	44	317054		

حساب مكونات التباين

$$\sigma^2_e = MS_e = 5524$$

$$\sigma^2_D = \frac{[MS_D - MS_e]}{K_1} = \frac{(8811 - 5524)}{3} = 1095$$

$$\sigma^2_S = \frac{[MS_S - MS_D)]}{K_3} = (15802\ \ -8811)\ /\ 9\ =\ 776$$

حيث هنا $K_1 = K_2$.

والتباين المظهري الكلي (σ^2_P) على أساس فردي يكون :

$$\sigma^2_P = \sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e = 776 + 1095 + 5524 = 7395$$

تقدير المكافئ الوراثي والخطأ القياسي له

أ) حساب المكافئ الوراثي من المكون الأبوي (h^2_S)

$$h_S^2 = \frac{4\sigma_S^2}{(\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2)} = 4(776) / 7395 = 0.42$$

والخطأ القياسي (SE) لهذا المكافئ الوراثي طبقا لأسلوب Becker 1984 يمكن حسابه كما يلي :

$$SE(h_S^2) \cong \frac{4SE_{(\sigma_S^2)}}{\sigma_P^2}$$

حيث يمكن حساب $SE(\sigma^2_S)$ باستخدام المعادلة التالية :

$$SE(\sigma_S^2) \cong \sqrt{Var_{(\sigma_S^2)}} = \sqrt{\frac{2}{k_3^2}\left[\frac{(MS_S)^2}{(DF_S+2)} + \frac{(MS_D)^2}{(DF_D+2)}\right]} \quad \text{....(١٢ ,٦٧)}$$

$$SE(\sigma_S^2) \cong \sqrt{\frac{2}{(9)^2}\left[\frac{(15802)^2}{(4+2)} + \frac{(8811)^2}{(10+2)}\right]} = \sqrt{1188100} = (1090)$$

ومن ثم فإن الخطأ القياسي للمكافئ الوراثي الأبوي يكون :

$$SE(h_S^2) \cong \frac{4SE_{(\sigma_S^2)}}{\sigma_P^2} \quad \text{............(١٢ ,٦٥)}$$

$$SE(h_S^2) \cong 4(1090) / 7395 = 0.58$$

$\therefore h^2_S \pm SE = 0.42 \pm 0.58$

ب) حساب المكافئ الوراثي من المكون الأمي(h^2_D)

$$h^2_D = \frac{4\sigma^2_D}{(\sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e)} = 4(1095) / 7395 = 0.59$$

والخطأ القياسي لهذا المكافئ طبقا لأسلوب Becker 1984 يمكن حسابه كما يلي :

$$(١٢,٦٦)......... \quad SE(h^2_D) \cong \frac{4SE_{(\sigma^2_D)}}{\sigma^2_P}$$

حيث يمكن حساب $SE(\sigma^2_D)$ باستخدام المعادلة التالية :

$$(١٢,٦٧).... \quad SE(\sigma^2_D) \cong \sqrt{Var_{(\sigma^2_D)}} = \sqrt{\frac{2}{k_1^2}\left[\frac{(MS_D)^2}{(DF_D+2)} + \frac{(MS_e)^2}{(DF_e+2)}\right]}$$

$$SE(\sigma^2_D) \cong \sqrt{\frac{2}{(3)^2}\left[\frac{(8811)^2}{(10+2)} + \frac{(5524)^2}{(30+2)}\right]} = \sqrt{1648656} = 1284$$

ومن ثم فإن الخطأ القياسي للمكافئ الوراثي الأمي يكون:

$$SE(h^2_D) \cong \frac{4SE_{(\sigma^2_D)}}{\sigma^2_P} = 4(1284) / 7395 = 0.69$$

$$\therefore h^2_D \pm SE = 0.59 \pm 0.69$$

يلاحظ هنا أن قيمة h^2_D أعلى من h^2_S ويعود السبب في ذلك إلى أن بسط معادلة حساب σ^2_D تحتوي على أربعة أمثال تأثيرات الأمومة Maternal effects.

ج) حساب المكافئ الوراثي من المكون الأبوي والأمي معا (h^2_{S+D}):

$$h^2_{S+D} = \frac{2(\sigma^2_S + \sigma^2_D)}{(\sigma^2_S + \sigma^2_D + \sigma^2_e)}$$

$$\therefore h^2_{S+D} = 2(776 + 1095) / 7395 = 0.51$$

$$SE(h^2_{S+D}) \cong 2\sqrt{\frac{[Var_{(\sigma^2_S)} + Var_{(\sigma^2_D)} - 2Cov_{(\sigma^2_S \sigma^2_D)}]}{\sigma^2_P}} \quad ...(١٢ , ٦٨)$$

حيث يمكن حساب $2Cov\ (\sigma^2_S \sigma^2_D)$ باستخدام المعادلة التالية :

$$Cov_{(\sigma^2_S \sigma^2_D)} \cong \frac{[Var_{(\sigma^2_e)} - k_1^2 Var_{(\sigma^2_D)}]}{k_1 k_3}$$

$$= [1907161 - (3)2(1648656)] / (3)(9) = -478916$$

$$2Cov\ (\sigma^2_S \sigma^2_D) = 2(-478916) = -957832$$

$$SE(h^2_{S+D}) \cong 2\sqrt{\frac{[1188100 + 1648656 - 957832]}{7395}} = 0.37$$

$$\therefore h^2_{S+D} \pm SE = 0.51 \pm 0.37$$

والمكافئ الوراثي هذا أقل مقارنة بالمكافئ الوراثي المحسوب من المكون الأمي ويرجع هذا إلى أنه يحتوي على ضعف تأثيرات الأمومة ونصف التباين السيادي ۰ ويلاحظ في هذا المثال أن الخطأ القياسي المحسوب لجميع المكافئات كبير ويرجع هذا إلى قلة عدد الأفراد المستخدمة في التقدير.

تمرين للحل : في قطيع كبير من الماعز غير مربى داخلياً جرى اختيار مجموعة من التيوس (طلائق) بصورة عشوائية وكل تيس لقح ثلاثة أمهات وكل أم أنتجت ثلاثة من النسل . وتم تسجيل وزن الجسم لهذا النسل عند عمر النضج الجنسي (بالكيلو جرام). ثم اختيرت ثلاثة تزاوجات أبوية Sire matings بصورة عشوائية وجرى تحليل أوزان أفراد النسل إحصائياً من البيانات التالية :

الطلائق **Sires** S_i	الأمهات **Dams** D_{ij}	أوزان النســـــل Y_{ijk}			مجموع أوزان نسل الأمهات $Y_{ij.}$	مجموع أوزان نسل الطلائق $Y_{i..}$
1	1	16	18	17		
	2	22	24	28		
	3	14	12	14		
2	4	13	12	15		
	5	17	18	21		
	6	12	11	14		
3	7	16	18	22		
	8	15	12	11		
	9	12	12	16		
				$Y_{...} =$		
				$\Sigma_i \Sigma_j \Sigma_k Y^2_{ijk} =$		

اكمل الجدول السابق ثم قم بتكوين جدول تحليل التباين ثم احسب التباينات الوراثية والمظهرية لوزن الجسم، ثم احسب المكافئ الوراثي من المكون الأبوي (h^2_S) ومن المكون الأمي (h^2_D) ومن المكون الأبوي والأمي معا (h^2_{S+D}).

الفصل الثالث عشر

مفهوم وأهمية وتقدير المعامل التكراري للصفات الكمية

(١ , ١٣) مفهوم المعامل التكراري
Concept of Repeatability

المعامل التكراري للصفة هو معامل الارتباط بين سجلين أو قياسيين مختلفين على الحيوان نفسه. فكثير من الصفات الاقتصادية تتكرر على مدى حياة الحيوان فمثلاً محصول اللبن أو الدهن يتكرر موسماً بعد آخر في ماشية اللبن أو محصول الصوف يتكرر سنة بعد أخرى في الأغنام أو عدد الأولاد أو وزنها في البطن تتكرر من ولادة لأخرى في الأرانب و الخنازير والماعز و الفئران ، .... و هكذا من الصفات التي تتكرر على الحيوان. ويفيد المعامل التكراري في التنبؤ بأداء الحيوان مستقبلاً إذا عرف أحد سجلاته في مطلع حياته الإنتاجية. وبديهي أن المعامل التكراري لا يوجد إلا للصفات التي تتكرر على الأقل مرتين في حياة الحيوان وهو غير موجود فيما يتعلق بالوزن عند عمر معين كصفة من صفات الفرد نفسه أو نسبة التصافي أو التشافي أو خواص الذبيحة.

(١٣, ٢) الأساس الوراثي للمعامل التكراري

من معادلة الأداء المظهري للحيوان التالية:

$$P = G + E + GE = A + D + I + E_p + E_t \quad (١٣,١)$$

حيث : E_p = البيئة الدائمة التي تلازم الحيوان Permanent environment

E_t = البيئة المؤقتة التي يتعرض لها الحيوان Temporary environment

يلاحظ أن التباين المظهري لأي صفة اقتصادية للحيوان يكون:

$$\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_{E_P} + \sigma^2_{E_t} \quad (١٣,٢)$$

و من ثم فإن معامل الارتباط بين سجلين على نفس الحيوان (أي المعامل التكراري) هو نسبة التباين الوراثي والبيئي الدائم إلى التباين المظهري الكلي . أي أن :

$$R = \frac{(\sigma^2_G + \sigma^2_{EP})}{\sigma^2_P} \quad (١٣,٣)$$

حيث R تمثل المعامل التكراري، وعلى هذا الأساس فإن التأثيرات البيئية الدائمة (E_p) والتركيب الوراثي (G) هما المحددان لكفاءة أداء الحيوان خلال فترة حياته كلها و يطلق عليها المقدرة الإنتاجية الحقيقية Real Producing ability (RPA). أي أن :

$$RPA = \sigma^2_G + \sigma^2_{E_P} \quad (١٣,٤)$$

هذا وقد وجد أن التباين البيئي المؤقت يتناقص بزيادة معدل n من المشاهدات و أن معامل اعتماد المقدرة الإنتاجية الكامنة لأداء الحيوان على معدلات n من السجلات (b_1) يكون :

$$b_1 = \frac{\sigma^2_{E_P}}{(\sigma^2_{E_P} + \frac{\sigma^2_{E_t}}{n})} \quad (١٣,٥)$$

وأن معامل اعتماد السجلات المستقبلية للحيوان على متوسط n من سجلاته الحالية (b_2) يكون :

$$b_2 = \frac{nr}{1+(n-1)r} \quad \text{(١٣ , ٦)}$$

حيث r = معامل الارتباط الجواني ومن المعروف أن هذا المعامل يزداد بزيادة عدد السجلات الحالية . والمعامل التكراري يسمى أحياناً معامل الارتباط داخل المجموعات Intraclass correlation ويقيس هذا الارتباط الجواني نسبة التباين بين المشاهدات المتسببة عن $\sigma^2_{E_p}$ بين الحيوانات.

(١٣, ٣) الأهمية العملية لتقدير المعامل التكراري

الأهمية العملية لتقدير المعامل التكراري تتلخص في النقاط التالية :

١- يعطي فكرة عن قيمة المكافئ الوراثي بالمعنى العريض (h^2_b) للصفة التي يحسب لها.

٢- يفيد في التنبؤ بأداء الحيوان مستقبلاً إذا عرفت سجلاته في مطلع حياته. فإذا كان المعامل التكراري لإنتاج اللبن مرتفعاً فإنه يمكن التنبؤ إلى حد كبير بإنتاج الحيوان من اللبن مستقبلاً إذا عرفنا إنتاجه في الموسم الأول وهذا يساعد على انتخاب الحيوانات في سن مبكرة وفي نفس الوقت يزيد من كفاءة الانتخاب.

٣- يدخل المعامل التكراري في حساب أقصى مقدرة إنتاجية ممثلة للحيوان Most probable producing ability والتي على أساسها يمكن المفاضلة بين الحيوانات المختلفة.

(١٣,٤) تقدير المعامل التكراري

(١٣,٤,١) استخدام معامل الارتباط في حالة وجود سجلين فقط للحيوان

إذا أردنا حساب المعامل التكراري بين سجلين فقط لصفة ما (على سبيل المثال موسم الإدرار الأول وموسم الإدرار الثاني) فيحسب معامل الارتباط بينهما على أساس أن أحد السجلين هو المتغير X_1 والسجل الآخر هو المتغير X_2 :

$$(١٣,٧)........ \quad r_{X1X2} = \frac{\sum(X_1 - \overline{X}_1)(X_2 - \overline{X}_2)}{\sqrt{\sum(X_1 - \overline{X}_1)^2 \sum(X_2 - \overline{X}_2)^2}}$$

أو يمكن استخدام المعادلة التالية :

$$(١٣,٨)..... \quad r_{X1X2} = \frac{\sum X_1 X_2 - [\frac{(\sum X_1)(\sum X_2)}{n}]}{\sqrt{[\sum X_1^2 - \frac{(\sum X_1)^2}{n}][\sum X_2^2 - \frac{(\sum X_2)^2}{n}]}}$$

والقيمة المستخرجة هنا هي معامل الارتباط بين السجلين والتي تمثل المعامل التكراري.

مثال محلول : القيم التالية تمثل محصول اللبن لفترة ما خلال موسم الإدرار الأول (X_1) وموسم الإدرار الثاني (X_2) لمجموعة من العنزات في قطيع من الماعز :

رقم العنزة	X1	X2
1	34.8	41.7
2	34.6	45.1
3	37.5	45.6
4	29.8	38.2
5	31.7	36.7
6	34.9	45.5
7	32.2	39.1
8	31.8	42.6
9	45.8	52.9
10	38.8	45.5
11	36.5	43.5
	$\sum X_1 = 388.2$	$\sum X_2 = 476.4$
	$\sum X^2_1 = 20833$	$\sum X^2_2 = 19890.5$
	n = 11 $\sum X_1 X_2 = 16990$	

معامل الارتباط بين السجلين يكون :

$$r_{X1X2} = \frac{\sum X_1 X_2 - [\frac{(\sum X_1)(\sum X_2)}{n}]}{\sqrt{[\sum X_1^{\ 2} - \frac{(\sum X_1)^2}{n}][\sum X_2^{\ 2} - \frac{(\sum X_2)^2}{n}]}}$$

$$= \frac{177.82}{\sqrt{(190.59)(220.67)}} = 0.91$$

وعليه فإن المعامل التكراري لصفة محصول اللبن يكون ٠,٩١ بالتالي يمكن التنبؤ بأداء الحيوان مستقبلاً إذا عرف محصوله من اللبن في الموسم الأول.

(١٣, ٤, ٢) استخدام معامل الارتباط في حالة وجود أكثر من سجلين للحيوان

يستفاد من هذه الطريقة في حالة توافر أكثر من سجلين للحيوان الواحد إذ يحسب معامل الارتباط بين السجل الأول و السجل الثاني ثم حساب معامل الارتباط بين السجل الأول والثالث ثم معامل الارتباط بين الثاني والثالث وهكذا. وبعدها توزن هذه المعاملات باستخدام قيم Z ويعاد حساب المعامل التكراري من النتائج المتحصل عليها. ويمكن الرجوع إلى كتب الإحصاء لمعرفة أهمية وكيفية حساب قيمة Z (جلال وآخرون ١٩٨٩، Snedecor and Cochran, 1985).

مثال محلول : في قطيع صغير يتكون من ١٩ نعجة وجد أن سجلات هذه النعاج تحتوي على قياسات لطول خصلة الصوف لثلاثة جزات متتالية. هذا وقد وجد أن بعض المشاهدات فقدت على عدد من الحيوانات خلال الجزة الأولى كما هو مبين لاحقاً . فما هو المعامل التكراري لصفة طول الخصلة في هذا القطيع؟

رقم النعجة	طول خصلة الصوف بالملي		
	الجزة الأولى X_1	الجزة الثانية X_2	الجزة الثالثة X_3
1	72	53	53
2	73	55	54
3	68	52	51
4	69	52	52
5	72	55	53
6	69	56	51
7	75	56	58
8	-	52	51
9	73	56	55
10	76	56	56
11	-	54	52
12	73	52	51
13	-	60	57
14	-	54	51
15	-	55	52
16	-	53	49
17	-	52	50
18	-	51	53
19	-	53	55

يمكن حساب معامل الارتباط بين X_1 ،X_2 وكذلك بين X_1 ، X_3 وبين X_2 ، X_3 كما هو موضح لاحقاً :

X_1	X_2	X_3	X_1X_2	X_1X_3	X_2X_3	X_1^2	X_2^2	X_3^2
72	53	53	3816	3816	2809	5184	2809	2809
73	55	54	4015	3942	2970	5329	3025	2916
68	52	51	3536	3468	2652	4624	2704	2601
69	52	52	3588	3588	2704	4761	2704	2704
72	55	53	3960	3816	2915	5184	3025	2809
69	56	51	3864	3519	2856	4761	3136	2601
75	56	58	4200	4350	3248	5625	3136	3364
-	52	51		-	2652	-	2704	2601
73	56	55	4088	4015	3080	5329	3136	3025
76	56	56	4256	4256	3136	5776	3136	3134
-	54	52		-	2808	-	2916	2704
73	52	51	3796	3723	2652	5329	2704	2601
-	60	57			3420	-	3600	3249
-	54	51			2754	-	2916	2601
-	55	52			2860		3025	2704
-	53	49			2597		2809	2401
-	52	50			2600		2704	2500
-	51	53			2703		2601	2809
-	53	55			2915		2809	3025
$\sum X_1=$ 720	$\sum X_2=$ 1027	$\sum X_3=$ 1004	$\sum X_1X_2=$ 39119	$\sum X_1X_3=$ 38493	$\sum X_2X_3=$ 54331	$\sum X^2_1$ = 51902	$\sum X^2_2$ = 55599	$\sum X^2_3$ = 53160

• حساب معامل الارتباط بين سجل الجزة الأولى (X_1) وسجل الجزة الثانية (X_2) حيث إن n=10 :

$\sum X_1 = 720$	$\sum X_2 = 543$	$\sum X_1 X_2 = 39119$
$\sum X_1^2 = 51902$	$\sum X_2^2 = 29515$	$\frac{(\sum X_1)(\sum X_3)}{n} = 39096$
$\frac{(\sum X_1)^2}{n} = 51840$	$\frac{(\sum X_2)^2}{n} = 29484.9$	
$\sum \chi^2_1 = 62.0$	$\sum \chi^2_2 = 30.1$	$\sum \chi_1 \chi_2 = 23.0$

$$r_{X1X2} = \frac{\sum \chi_1 \chi_2}{\sqrt{\sum \chi_1^2 \sum \chi_2^2}} = \frac{23}{\sqrt{(62.0)(30.1)}} = 0.532$$

• حساب معامل الارتباط بين سجل الجزة الأولى (X_1) وسجل الجزة الثالثة (X_3) حيث n = 10 :

$\sum X_1 = 720$	$\sum X_3 = 534$	$\sum X_1 X_3 = 38493$
$\sum X_1^2 = 51902$	$\sum X_3^2 = 28566$	$\frac{(\sum X_2)(\sum X_3)}{n} = 38448$
$\frac{(\sum X_1)^2}{n} = 51840$	$\frac{(\sum X_3)^2}{n} = 28515.6$	
$\sum \chi^2_1 = 62.0$	$\sum \chi^2_3 = 50.4$	$\sum \chi_1 \chi_3 = 45$

$$r_{X1X3} = \frac{\sum \chi_1 \chi_3}{\sqrt{\sum \chi_1^2 \sum \chi_3^2}} = \frac{45}{\sqrt{(62.0)(50.4)}} = 0.805$$

• حساب معامل الارتباط بين سجل الجزة الثانية (X_2) وسجل الجزة الثالثة (X_3) حيث n=19 :

$\sum X_2 = 1027$	$\sum X_3 = 1004$	$\sum X_2 X_3 = 54331$
$\sum X_2^2 = 55599$	$\sum X_3^2 = 53160$	$\frac{(\sum X_2)(\sum X_3)}{n} = 5420$
$\frac{(\sum X_2)^2}{n} = 55512$	$\frac{(\sum X_3)^2}{n} = 53053.47$	
$\sum\chi_2^2 = 87.0$	$\sum\chi_3^2 = 106.53$	$\sum\chi_2\chi_3 = 62.16$

$$r_{X2X3} = \frac{\sum \chi_2 \chi_3}{\sqrt{\sum \chi_2^2 \sum \chi_3^2}} = \frac{62.16}{\sqrt{(87.0)(106.53)}} = 0.645$$

من معاملات الارتباط السابق حسابها يمكن حساب المعامل التكراري من متوسط قيمة Z ومتوسط قيمة r كما هو موضح لاحقاً (قيمة Z بدلالة r):

السجل	N	DF	R	Z	قيمة z الموزونة Weighted Z = (df)(Z)
سجل الجزة الأولى والثانية	10	9	0.532	0.59	5.31
سجل الجزة الأولى والثالثة	10	9	0.805	1.127	10.143
سجل الجزة الثانية والثالثة	19	18	0.645	0.77	13.86
Total		36			29.313

متوسط قيمة z :

Average z = 29.313/36 = 0.814

متوسط قيمة r (قيمة r بدلالة z) :

Average r = 0.67

وبإعادة تحويل متوسط القيمة z إلى r فإن قيمة r المقابلة لها تساوي ٦٧ , ٠ تقريباً ويمكن اعتماد هذه القيمة على أنها تمثل المعامل التكراري.

(١٣, ٥) تقدير المعامل التكراري من جدول تحليل التباين
Estimation of repeatability using the ANOVA Table

(١٣, ٥, ١) النموذج الإحصائي Statistical Model

يستخدم النموذج الإحصائي التالي لتقدير المعامل التكراري من جدول تحليل التباين :

$$Y_{im} = \mu + \alpha_i + e_{im}$$

$$i = 1.......n \quad ....(١٣ , ٩)$$

حيث μ = المتوسط العام، α_i = التأثير العشوائي للحيوان، e_{im} = الانحراف البيئي للقياس m على الحيوان i. كل التأثيرات الموجودة في النموذج عشوائية و طبيعية التوزيع مستقلة بعضها عن بعض ومتوسطها يساوي صفراً.

وطبقا لهذا النموذج الإحصائي فإن جدول تحليل التباين يمكن توضيحه في الجدول رقم (١٣ , ١).

الجدول رقم (١٣, ١). جدول تحليل التباين لتقدير المعامل التكراري.

مصدر التباين	DF	مجموع المربعات Sum of squares (SS)	متوسط المربعات Mean squares (MS)	متوسط المربعات المتوقع Expected Mean squares (EMS)
بين الحيوانات (بين الأفراد) Between animals	n-1	SS_A	MS_A	$\sigma^2 e + k\sigma^2_A$
بين القياسات داخل الحيوانات Measurements within animals	n(m-1) = m.-n	SS_e	MSe	$\sigma^2 e$

حيث n = عدد الحيوانات، m = عدد القياسات لكل حيوان، σ^2_{Animal} = التباين بين الحيوانات، k = عدد القياسات لكل حيوان وهى تمثل m في حالة تساوي القياسات لكل حيوان، .m = العدد الكلى للقياسات.

(١٣, ٥, ٢) النموذج الوراثي Genetic Model

طبقاً للنموذج الإحصائي السابق ذكره يمكن توضيح المكونات الوراثية للمعامل التكراري في الجدول رقم (١٣, ٢).

الجدول رقم (١٣, ٢). المكونات الوراثية للمعامل التكراري.

مكون التباين	$\sigma^2 A$	$\sigma^2 D$	$\sigma^2 AA$	$\sigma^2 AD$	$\sigma^2 DD$	$\sigma^2 E_P$	$\sigma^2 E_t$
σ^2_{Animal}	1	1	1	1	1	1	0
σ^2_e	0	0	0	0	0	0	1

ولذلك فإن σ^2_{Animal} تحتوي على كل التباين الوراثي (تجمعي وسيادي وتفوقي) وجزء من التباين البيئي الراجع إلى الحيوان نفسه وهو كل التباين البيئي الدائم . هذا و يطلق أحيانا على σ^2_{EP} بمصطلح البيئة العامة General Environment بينما يطلق على σ^2_{Et} بمصطلح البيئة الخاصة Special environment .

(١٣, ٥, ٣) الصيغ الحسابية و تقدير مكونات التباين

الجدول رقم (١٣, ٣) يوضح الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المعامل التكراري. ومن بيانات الجدول تقدر مكونات التباين بالمعادلات التالية:

$$\sigma^2_e = MS_e \qquad (١٣, ١٠)$$

$$\sigma^2_A = \frac{[MS_A - MS_e]}{K} \qquad (١٣, ١١)$$

الجدول رقم (١٣,٣). الصيغ الحسابية لتكوين جدول تحليل التباين لتقدير المعامل التكراري.

مصدر التباين	DF	Sum of squares (SS)	Mean squares (MS)
معامل التصحيح Correction term (CT)		$CT = Y^2_{..} /m.$	
بين الحيوانات Between animals	n-1	$SS_A = \sum_i \frac{Y^2_{i.}}{m_i} - CT$	$MS_A = SS_A/(n-1)$
بين القياسات داخل الحيوانات Measurements within animals	n(m-1) = m.-n	$SS_e = \sum_i \sum_m Y^2_{im} - \frac{\sum Y^2_{i.}}{m_i}$ $SS_e = SS_{Total} - SS_A$	MSe = SSe/(m.-n)
Total	m.-1	$SS_{Total} = \sum_i \sum_m Y^2_{im} - CT$	

وعند تساوي عدد القياسات لكل حيوان فإن $m = K$ أما في حالة عدم تساوي القياسات لكل حيوان unequal number فإن قيمة K تكون:

$$K = \frac{1}{df_A}\left[m. - \frac{\sum m_i^2}{m.}\right] = \frac{1}{(n-1)}\left[m. - \frac{\sum m_i^2}{m.}\right] \quad \text{(١٣,١٢)}$$

حيث .m = العدد الكلى للقياسات، m_i = عدد القياسات داخل كل حيوان.

و أخيرا فإن المعامل التكراري (R) يقدر من المعادلة:

$$R = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_e} \quad \text{(١٣,١٣)}$$

(١٣, ٦) مثال محلول لحساب المعامل التكراري لتصميم متزن Balanced Design (أعداد متساوية من القياسات لكل حيوان)

المعلومات المذكورة في الجدول التالي تمثل حجم القذفة المنوية لستة كباش أخذت عشوائيا من قطيع ما وأخذت عشر قذفات لكل كبش. والمطلوب تكوين جدول تحليل التباين وتقدير المعامل التكراري لهذه الصفة:

حجم القذفة المنوية (سم) لكل كبش					
الكبش الأول	الكبش الثاني	الكبش الثالث	الكبش الرابع	الكبش الخامس	الكبش السادس
2.3	2.2	2.1	2.3	2.1	2.0
2.2	3.1	2.6	2.4	2.0	1.9
2.2	2.7	2.7	2.1	2.2	2.6
3.0	2.2	2.0	2.6	2.0	2.5
2.4	2.5	1.9	2.0	2.0	2.3
2.8	2.6	1.9	1.7	1.8	2.0
2.6	2.9	1.8	2.4	2.0	2.5
2.5	2.3	2.3	2.1	1.7	2.2
2.2	2.2	2.1	2.5	1.8	2.0
2.3	3.0	2.2	2.7	1.7	1.7
$Y_{i.}$ 24.5	25.7	21.6	22.8	19.3	21.7
m.= 60 Y.. = 135.6 $\Sigma\Sigma Y^2_{im} = 313.52$					

تكوين جدول تحليل التباين

حساب معامل التصحيح CT :

$$CT = Y^2_{..} / m. = (135.6)^2 / 60 = 306.45$$

حساب مجموع المربعات الكلي (SS_{Total}) :

$$SS_{Total} = \sum_i \sum_m Y^2{}_{im} - CT = 313.52 - 306.45 = 7.07$$

حساب مجموع المربعات بين الكباش (SS_A) :

$$SS_A = \sum_i \frac{Y^2_{i.}}{m_i} - CT = \frac{[(24.5)^2 + ...+(21.7)^2]}{10} - 306.45 = 2.6$$

حساب مجموع المربعات بين القياسات داخل الكباش أو الخطأ العشوائي (SS_e) :

$$SS_e = [SS_{Total} - SS_A] = 7.07 - 2.6 = 4.47$$

ويمكن تمثيل المكونات السابقة في الجدول التالي :

مصدر التباين	DF	SS	MS	EMS
بين الحيوانات (الكباش) Between animals	5	2.6	0.52	$\sigma^2_e + 10\sigma^2_A$
بين القياسات داخل الحيوانات Measurements within animals	54	4.47	0.082	σ^2_e

$$\sigma^2_e = MS_e = 0.082$$

$$\sigma^2_A = \frac{[MS_A - MS_e]}{K} = (0.52-0.082) / 10 = 0.0438$$

وعليه يكون المعامل التكراري (R) :

$$R = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_e} = 0.0438 / (0.0438+0.082) = 0.348$$

ويمكن حساب الخطأ القياسي(SE) للمعامل التكراري بالمعادلة التالية :

$$(١٣ , ١٤)........ \quad SE_{(R)} \cong \sqrt{\frac{2(1-R)^2[1+(k-1)R]^2}{k(k-1)(n-1)}}$$

حيث n = عدد الحيوانات (الكباش) ، k = عدد القياسات لكل حيوان.

$$SE_{(R)} = \sqrt{\frac{2(1-0.348)^2[1+(10-1)0.348]^2}{10(10-1)(6-1)}} = 0.179$$

$$\therefore R \pm SE = 0.348 \pm 0.179$$

(١٣,٧) مثال محلول لحساب المعامل التكراري في حالة أعداد غير متساوية من القياسات لكل حيوان (تصميم غير متزن Unbalanced Design)

البيانات التالية تمثل القياسات لعدد خمسة طلائق لصفه ما :

	بيانات الطلائق					Total
	1	**2**	**3**	**4**	**5**	
	687	618	628	600	717	
	691	680	689	657	658	
	793	592	584	669	674	
	675	683	672	606	611	
	700	---	641	718	678	
	753	---	---	693	788	
	704	---	---	---	650	
	717	---	---	---	690	
m_i	8	4	5	6	8	m.= 31
Yi.	5720	2573	3214	3943	5466	Y..= 20916
$(Y_i)^2/mi$	408900	1655082	2065959	2591208	3734644	14136694
Y^2_{im}						ΣY^2_{im} = 14190638

تكوين جدول تحليل التباين

حساب معامل التصحيح(**CT**) :

$$CT = Y^2.. /m.$$
$$= (20916)^2 /31 = 14112227.6$$

حساب مجموع المربعات الكلي (SS_{Total}):

$$SS_{Total} = \sum_i \sum_m Y^2{}_{im} - CT$$

$$= 14190638 - 14112227.6 = 78410.39$$

حساب مجموع المربعات بين الطلائق (SS_A) :

$$SS_A = \sum_i \frac{Y^2{}_{i.}}{m_i} - CT$$

$$=14136694.12 - 14112227.6 = 24466.51$$

حساب مجموع المربعات بين القياسات داخل الطلائق أو الخطأ العشوائي (SS_e) :

$$SS_e = [SS_{Total} - SS_A]$$
$$= 78410.39 - 24466.51 = 53943.88$$

حساب المعامل K في حالة عدم تساوي القياسات لكل طلوقة :

$$K = \frac{1}{df_A}\left[m. - \frac{\sum m_i^2}{m.}\right]$$

$$K = \frac{1}{(5-1)}\left[31 - \frac{(8)^2 + ... + (8)^2}{31}\right] = 6.1$$

ويكون جدول تحليل التباين كما يلي :

مصدر التباين	DF	SS	MS	EMS
بين الطلائق	4	24466.51	6116.63	$\sigma^2_e + 6.1\sigma^2_A$
بين القياسات داخل الطلائق	26	53943.88	2074.4	σ^2_e

$$\sigma^2_e = MS_e = 2074.4$$

$$\sigma^2_A = \frac{[MS_A - MS_e]}{K} = (6116.63 - 2074.4) / 6.1 = 662.6$$

وعليه يكون المعامل التكراري (R) :

$$R = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_e}$$

$$R = 662.6 / (662.6 + 2074.4) = 0.24$$

ويمكن حساب الخطأ القياسي للمعامل التكراري في حالة عدم تساوي أعداد القياسات لكل حيوان وذلك باستخدام معادلة Swiger وآخرون (Swiger et al, 1964) كما يلي :

$$(١٣,١٥)..... \quad SE_{(R)} \cong \sqrt{\frac{2(m.-1)(1-R)^2[1+(k-1)R]^2}{k^2(m.-n)(n-1)}}$$

$$SE_{(R)} \cong \sqrt{\frac{2(31-1)(1-0.24)^2[1+(6.1-1)\,0.24]^2}{(6.1)^2(31-5)\,(5-1)}} = 0.21$$

$$\therefore\ R \pm SE = 0.24 \pm 0.21$$

تمرين للحل : البيانات التالية تمثل ثلاث بطون متتالية لصفة عدد الخلفة عند الميلاد لمجموعة من إناث الأرانب Does في قطيع ما :

رقم الأنثى	عدد الخلفة عند الميلاد		
Doe	الولادة الأولى	الولادة الثانية	الولادة الثالثة
1	4	8	10
2	5	9	12
3	4	6	-
4	3	7	8
5	6	10	-
6	7	9	8
7	6	8	-
8	8	12	10
9	7	13	8
10	7	8	10
11	6	9	8
12	2	5	-
13	5	8	9
14	8	12	9
15	9	13	12
16	10	13	-
17	11	12	12
18	8	9	8
19	9	10	8
20	2	5	6

فما هو تقديرك للمعامل التكراري والخطأ القياسي له لصفة عدد الخلفة عند الميلاد ؟

الفصل الرابع عشر

مفهوم وأسباب وأهمية وتقدير التلازم الوراثي والمظهري والبيئي للصفات الكمية

(١ , ١٤) مفهوم التلازم الوراثي (الارتباط الوراثي)
Concept of Genetic Correlation

تتأثر القيمة الاقتصادية لحيوان ما بعدد من الصفات ذات الأهمية الاقتصادية لهذا الحيوان. وعليه فإن الانتخاب يكون مهماً و ضرورياً ليس بتأثيره في الصفة التي يوجه إليها الانتخاب فحسب وإنما في الصفات الأخرى. وعلى سبيل المثال فإنه عند الانتخاب لمحصول اللبن يجب أن نعرف ما هو التغير المصاحب Correlated response في محتوى الدهن. وعادة يتم قياس مدى أو اتجاه الاستجابة الانتخابية Selection response باستخدام الارتباط الوراثي Genetic correlation، أو التغاير الوراثي Genetic covariance (أي التباين المشترك) بين الصفات المعنية.

إن الارتباط الوراثي بين اثنين من الصفات هو التلازم بين تأثيرات الجين التي تؤثر فيهما معا. هذا و يجب أن لا يخلط بين مفهوم هذا الارتباط الوراثي و مفهوم الارتباط الخاص بين أفعال الجين التي تؤثر على الصفة نفسها في الحيوانات ذات القرابة (مثل محصول اللبن في الأم وبنتها) وهذا ما يسمى التغاير الوراثي بين الأقارب• وبإيضاح أكثر يمكن تعريف الارتباط الوراثي بين صفتين بأنه هو ميل هاتين الصفتين إلى الانتقال عبر الأجيال إما مع بعضهما أو في اتجاهين متضادين أي أن الزيادة في صفة يصحبها نقص في الأخرى. وفي حالة أن يصاحب الزيادة في مظهر أحد الصفتين زيادة في مظهر الأخرى يسمى هذا الارتباط بالارتباط الوراثي الموجب. أما في حالة أن يصاحب الزيادة في مظهر أحد الصفتين نقص في مظهر الأخرى يسمى هذا الارتباط بالارتباط الوراثي السالب.

(١٤,٢) أسباب الارتباط الوراثي

ينشأ الارتباط الوراثي لعدة أسباب نذكر منها :

١- ينشأ الارتباط الوراثي نتيجة تعدد تأثيرات الجين Pleiotropic effects وهى الجنيات التي تؤثر في أكثر من صفة في وقت واحد والتي تسمى بالجنيات المتعددة Pleiotropic genes . ومفهوم هذا أن يكون لجين في صفة ما أو مجموعة من الجينات التأثير نفسه في صفة أخرى. وقد يكون تأثير الجين أو مجموعة الجينات على الصفتين في اتجاه واحد أي أنها تزيد أو تخفض من مظهر الصفتين معا وقد يكون تأثير الجين أو مجموعة الجينات في الصفتين في اتجاهين متضادين أي أن الزيادة في مظهر صفة يصاحبه نقص في مظهر الصفة الأخرى و العكس صحيح. ففي الحالة الأولى يحصل ارتباط وراثي موجب و في الحالة الثانية يحصل ارتباط وراثي سالب. هذا و يعد الارتباط الوراثي الناتج عن تعدد تأثيرات الجين بأنه ارتباط دائم وحقيقي Permanent correlation.

٢- ينشأ الارتباط الوراثي نتيجة أن تكون المسافة العبورية للجنيات الموجودة على الكروموسوم نفسه والتي تؤثر في الصفتين أقل من ٥٠٪ . حيث إنه كلما قلت المسافة العبورية زاد الارتباط بين الجينات وبالتالي انتقالها من جيل إلى آخر مع بعضها. ويميل هنا الارتباط الوراثي إلى الاختفاء بعد عدة أجيال من التزواج العشوائي؛ لأن العبور Crossing-over يعمل على كسر الترابطات بين الجينات و لذلك يسمى الارتباط هنا بالارتباط الوراثي المؤقت Temporary correlation.

٣- ينشأ الارتباط الوراثي عن عامل عابر هو مزاملة الجينات وهو ترابط الجينات Linkage of genes التي تؤثر على صفتين. وقد يظهر هذا الارتباط الوراثي والذي يعتمد على مثل هذا النوع من الترابط الجيني بعد أن يتم الخلط بين عشيرتين في إحداهما تكون الجينات التي تزيد الصفة في حالة تقارن و في العشيرة الثانية تكون الجينات التي تنقص الصفة في حالة تقارن (أي تعاون في تأثيرها Synergistic effect).

هذا ويلاحظ على أسباب الارتباط الوراثي ما يلي :

أ) أن غالبية الصفات تتأثر بعدد كبير من الجينات وبعض هذه الجنيات يكون بمقدورها أن تتعاون بتأثيرها Synergistic effect في الصفتين وجينات أخرى تعمل بتضاد Antagonistic effect مابين الصفتين. وعلى هذا الأساس فإن الأثر المتعدد للجين Pleiotropy genes ليس من الضروري أن يسبب تلازماً أو ارتباطاً وراثياً.

ب) في بعض الأحيان قد يكون الترابط بين الجينات Linkage of genes قريباً جداً مما يعطي مزاملة بين الصفات تطول لعدة أجيال وذلك أكثر من المعتاد. وقد وجد أن الجينات المستقلة Non-linked genes قد تظهر بعض المزاملة خلال الأجيال القليلة الأولى بعد الخلط بين عشيرتين إلا أن حالة الاتزان قد تصلها العشيرة بوقت أسرع بكثير مما عليه الحالة في حالة الجينات المرتبطة Linked genes.

جـ) في حالة ما إذا كان فعل بعض الجينات تعاونياً Synergistic effect على صفتين وفعل جينات أخرى متضاد Antagonistic effect فإن استمرار الانتخاب لتحسين كلتا الصفتين يجب أن يميل إلى تثبيت الجينات Fixation of genes التي تعمل لصالح الصفتين. أما الجينات التي تعمل لصالح إحدى الصفتين و تضاد الأخرى فسوف تبقى غير ثابتة Unstable .

د) وفي العشائر التي تخضع للانتخاب لمدة طويلة فمن المحتمل أن تسبب الجينات التي تعمل بصورة متضادة في خفض معظم التباين الوراثي، وعلى هذا الأساس يميل الارتباط الوراثي بين الصفات التي تخضع للانتخاب في آن واحد أن يكون سلبيا.

(١٤,٣) العلاقة بين الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي والمكافئ الوراثي

قد يحصل ارتباط أو تلازم بين صفتين بسبب البيئة المشتركة بينهما. لذا فإن الارتباط المظهري (الكلى) للعشيرة ليس بمقدوره أن يعطي علامات للارتباطات الوراثية والبيئية وكلاهما يكونان الارتباط المظهري. وبفرض أن القيمة المظهرية تساوي $P= G+ E + GE$ وأن الارتباط بين التركيب الوراثي (G) والبيئة (E) يساوي صفراً بالتالي فإن $P =G + E$. ومن هذا المنطلق فإن الارتباط المظهري (r_p) بين صفتين يكون كما يلي :

$$r_P = \frac{Cov_{G1G2} + Cov_{E1E2}}{\sqrt{(\sigma^2_{G1} + \sigma^2_{E1})(\sigma^2_{G2} + \sigma^2_{E2})}} \quad ....(١٤ , ١)$$

حيث Cov_{G1G2} = التغاير بين التأثيرات الوراثية المؤثرة علي الصفتين.

Cov_{E_1E2} = التغاير بين التأثيرات البيئية المؤثرة على الصفتين .

$\sigma^2_{G1}, \sigma^2_{G2}$ = التباين الوراثي للصفة الأولى والثانية على التوالي.

$\sigma^2_{E1}, \sigma^2_{E2}$ = التباين البيئي للصفة الأولى والثانية على التوالي.

ولإيجاد العلاقة بين الارتباط المظهري (r_P)، وكل من الارتباط الوراثي (r_G)، والارتباط البيئي (r_E) والمكافئ الوراثي للصفة الأولى (h^2_1) والمكافئ الوراثي للصفة الثانية (h^2_2) يمكن إعادة كتابة التعبير السابق بالصيغة التالية :

$$r_P = (r_G)(h_1)(h_2) + r_E\sqrt{(1-h^2{}_1)(1-h^2{}_2)} \quad \text{......(١٤ ,٢)}$$

هذا ويظهر بوضوح أن الارتباط المظهري يتأثر بالارتباط الوراثي كما يتأثر بالارتباط البيئي وكذلك بقيم المكافئ الوراثي لكلتا الصفتين. فعندما تكون قيم المكافئ الوراثي صغيرة فإن المساهمة البيئية سوف يكون لها أثر كبير في الارتباط المظهري. وقد يكون للارتباطات الوراثية والبيئية إشارات متعاكسة كأن يكون الارتباط الوراثي موجبا والارتباط البيئي سالبا والعكس صحيح إذا كانت قيمة **(r_G) (h_2) (h_1)** أكبر من الارتباط المظهري أو أصغر منه في حالة الارتباط السالب كما أوضح ذلك Searle (Searle, 1961).

والجدولان رقما (١٤ ,١)، (١٤ ,٢) توضح معاملات الارتباط الوراثي بين الصفات المختلفة لبعض الصفات الإنتاجية والتناسلية في الحيوانات الزراعية المختلفة المرباة في المنطقة العربية.

(١٤ ,٤) أهمية تقدير الارتباط الوراثي

١ – للارتباط الوراثي دور كبير عند الانتخاب لأكثر من صفة في آن واحد. فإذا كان الانتخاب لصفات بينها ارتباط وراثي موجب فإن التحسين في إحداها يتبعه تحسين في الصفات الأخرى. ولكن إذا كان الانتخاب لصفات بينها ارتباط وراثي سالب فإن التحسين في إحداه يتبعه تدهور في الصفات الأخرى.

٢– يدخل الارتباط الوراثي في تكوين أدلة الانتخاب لانتخاب أكثر من صفة في وقت واحد.

٣– يدخل الارتباط الوراثي في تقدير التغير الوراثي المصاحب Genetic correlated response.

الجدول رقم (١ , ١٤). مدي قيم الارتباط الوراثي بين الصفات الإنتاجية والتناسلية في الأبقار والجاموس المرباة في المنطقة العربية المحسوبة من النموذج الأبوي (r_S) أو نموذج الحيوان (r_A).

الصفات المرتبطة	السلالات المستخدمة	مدى الارتباط الوراثي	
		النموذج الأبوي h^2_S	نموذج الحيوان h^2_A
الأبقار :			
El-Sedafy (1989), Sultan and Khattab (1989), Khattab and Sultan (1990), Afifi et al (1992), Khalil et al (1992a&1994), Khattab (1992), Khattab et al (1994), Abou-Bakr et al (2000), Abdel-Salam et al (2001)			
محصول لبن ٣٠٥ يوم ، طول فترة الإدرار	الفرزيان–الهولشتين	0.34-0.68	0.28-0.52
محصول اللبن الكلي ، طول فترة الإدرار		0.32-0.56	0.26-0.82
محصول لبن ٣٠٥ يوم، العمر عند أول ولادة		-0.18-0.42	
محصول البن ، وزن الميلاد		0.42-0.68	
محصول البن ، الفترة بين ولادتين		-0.45	
العمر عند أول ولادة ، طول فترة الإدرار		-0.52	
وزن الميلاد ، وزن الفطام		0.62-0.92	
الجاموس :			
Ashmawy (1981), Sharaby and Kimary (1982), Mourad (1984), Sadek (1984), Kassab (1988), Mourad et al (1991), Khalil et al (1992b), Khattab and Mourad (1992), Mohamed et al (1993), Sadek and Ashmawy (1993), Metry et al (1994), Sadek et al (1994&1998), Mourad and Mohamed (1994), Fooda (1995), Gebriel (1996), Abou-Bakr (1996), Abd El-Lattef (2002)			
محصول لبن ٣٠٥ يوم ، طول فترة الإدرار	**الجاموس المصري**	0.24-0.74	0.22-0.64
محصول اللبن الكلي ، طول فترة الإدرار		0.28-0.52	0.21-0.58
محصول لبن ٣٠٥ يوم ، العمر عند أول ولادة		0.14-0.54	-0.25
محصول البن ، وزن الميلاد		0.44-0.56	
محصول البن ، الفترة بين ولادتين		-0.64	
العمر عند أول ولادة ، طول فترة الإدرار		-0.25	-0.17
وزن الميلاد ، وزن الفطام		0.56-0.98	

الجدول رقم (٢ , ١٤). مدي قيم الارتباط الوراثي بين الصفات الإنتاجية والتناسلية في الأغنام والماعز المرباة في المنطقة العربية المحسوبة من النموذج الأبوي (r_S) أو نموذج الحيوان (r_A).

الصفات المرتبطة	السلالات المستخدمة	مدي الارتباط الوراثي	
		النموذج الأبوي h^2_S	نموذج الحيوان h^2_A
الأغنام:			
Fahmy et al (1969), Aboul-Naga and Afifi (1977&1982), Guirgis et al (1982), Almahdy (1987), Aboul-Naga et al (1989), Mousa (1989), Ahmed (1991), Shaat (1996&2002)			
عدد الحملان عند الميلاد، عدد الحملان عند الفطام	الرحماني الاوسيمي البرقي العواسي	0.22-0.48	
عدد الحملان عند الميلاد، طول فترة الإدرار		0.28-0.64	
وزن الحمل عند الميلاد، وزن الفطام		0.36-0.98	
أوزان الجسم بعد الفطام عند أعمار مختلفة		0.78-0.92	
أوزن الجزة عند أعمار مختلفة		0.44-0.72	
الماعز:			
Mavrogenis et al (1984), Abdel-Salam (1991), Abdel-Raheem (1998), Mekawy et al (2000)			
عدد الخلفة عند الميلاد، محصول اللبن	الزرايبي المصري الدمشقي السوري البلدي	0.32-0.48	
عدد الخلفة عند الميلاد، طول فترة الإدرار		0.52-0.72	
وزن الجديان عند الميلاد، وزن الفطام		0.64-0.88	
أوزان الجسم بعد الفطام عند أعمار مختلفة		0.46-0.82	0.3-0.99

الجدول رقم (٣ ,١٤). مدى قيم الارتباط الوراثي بين الصفات الإنتاجية والتناسلية في الأرانب المرباة في المنطقة العربية المحسوبة من النموذج الأبوي (r_S) أو نموذج الحيوان (r_A)

الصفات المرتبطة	السلالات المستخدمة	مدي الارتباط الوراثي	
		النموذج الأبوي h^2_S	نموذج الحيوان h^2_A
الدراسات المستخلص منها القيم :			
Khalil et al (1986&1987a,b), Khalil et al (1988), Afifi et al (1989), Khalil and Khalil (1991), Khalil et al (1993), Khalil (1994), Khalil et al (2000), Sabra et al (2001), Khalil (2003)			
عدد الخلفة عند الولادة ، عدد الخلفة عند الفطام	النيوزيلندي	0.64-0.82	
عدد الخلفة عند الولادة ، عدد الخلفة عند الفطام	الكاليفورنيا	0.74-0.98	
عدد الخلفة عند الولادة ، وزن الخلفة عند الولادة	البوسكات	0.77-0.92	
وزن الخلفة عند الولادة ، وزن الخلفة عند الفطام	الجيزة	0.72-0.99	
أوزان الجسم بعد الفطام عند أعمار مختلفة	الأبيض	0.22-0.98	0.23-0.48
صفات الذبيحة المختلفة	البلدي	0.32-0.92	
أوزان الجسم ، معدلات استهلاك العلف	الجبلي		0.56-0.92
أوزان الجسم ، صفات الذبيحة	V-Line		0.45-0.86
أوزان الجسم ، مكونات اللحم	الأسباني		0.42-0.76
صفات الذبيحة ، مكونات اللحم			0.34-0.66
صفات مكونات اللحم الكيماوية المختلفة			0.46-0.94
صفات السائل المنوي المختلفة			0.24-0.42

(١٤, ٥) تقدير معامل الارتباط الوراثي باستخدام التغاير بين الأقارب

معامل الارتباط بين صفتين على حيوان ما يمثل الارتباط المظهري بين هاتين الصفتين وهذا الارتباط هو محصلة للارتباط الوراثي (r_{G1G2}) بجانب الارتباط البيئي (r_{E1E2}) مع اعتبارات أخرى . لذلك عند تقدير معامل الارتباط الوراثي بين صفتين فإن العلاقة بين الصفة الأولى على فرد ما والصفة الأخرى على فرد آخر بينهما صلة قرابة (الفرد وأمه مثلا) تؤخذ في الاعتبار عند تقدير هذا الارتباط. فإذا فرضنا أن :

X_1 هي الصفة الأولى على الفرد الأول.

X_2 هي نفس الصفة الأولى على الفرد الآخر (أمه أو أبوه أو أخوه).

Y_1 هي الصفة الثانية على الفرد الأول.

Y_2 هي نفس الصفة الثانية على الفرد الآخر (أمه أو أبوه أو أخوه).

ومن ثم فإن معامل الارتباط الوراثي (r_{G1G2}) بين صفتين يكون :

$$r_{G1G2} = \frac{\sqrt{(\sum X_1Y_2)(\sum X_2Y_1)}}{\sqrt{(\sum X_1X_2)(\sum Y_1Y_2)}} = \frac{\sqrt{(\tfrac{1}{2}Cov_{G1G2})(\tfrac{1}{2}Cov_{G2G1})}}{\sqrt{(\tfrac{1}{2}\sigma^2_{G1})(\tfrac{1}{2}\sigma^2_{G2})}}$$

$$r_{G1G2} = \frac{\sqrt{(Cov_{G1G2})(Cov_{G2G1})}}{\sqrt{(\sigma^2_{G1})(\sigma^2_{G2})}} = \frac{Cov_{G1G2}}{\sqrt{(\sigma^2_{G1})(\sigma^2_{G2})}} \quad \text{....(١٤ ,٣)}$$

وتكون إشارة الارتباط الوراثي من إشارة التغاير في المعادلة.

(١٤, ٦) مثال محلول لتقدير معامل الارتباط الوراثي من التغاير بين الآباء و الأبناء

Parent- Offspring Covariance

البيانات التالية تمثل إنتاج اللبن والدهن السنوي لعينة من الأبقار (البنات) وأمهاتها أحسب معامل الارتباط الوراثي (r_{G1G2}) بين الصفتين :

إنتاج اللبن في الأمهات X_1	إنتاج الدهن في الأمهات Y_1	إنتاج اللبن في البنات X_2	إنتاج الدهن في البنات Y_2	X_1Y_2	X_2Y_1	X_1X_2	Y_1Y_2
3600	85	3400	75	270000	289000	12240000	6370
3800	80	3200	72	273600	256000	12160000	5760
3560	75	3620	65	237250	271500	12887200	4875
4280	80	3800	75	321000	310400	16264000	6000
5100	82	4800	76	387600	393600	24480000	6232
$\sum X1=$ 20340	$\sum Y_1=$ 402	$\sum X_2=$ 18820	$\sum Y_2=$ 363	$\sum X_1Y_2=$ 1489450	$\sum X_2Y_1=$ 1249000	$\sum X_1X_2=$ 78031200	$\sum Y_1Y_2=$ 29242

$$r_{G1G2} = \frac{\sqrt{(\sum X_1Y_2)(\sum X_2Y_1)}}{\sqrt{(\sum X_1X_2)(\sum Y_1Y_2)}} =$$

$$r_{G1G2} = \frac{\sqrt{(1489450)(1249000)}}{\sqrt{(78031200)(29242)}} = 0.903$$

وبالأسلوب السابق نفسه يمكن تقدير معامل الارتباط الوراثي من التغايرات الوراثية بين الأقارب المختلفة والمتمثلة في :

١- التغاير بين الإخوة الأشقاء Full-sib Covariance.

٢- التغاير بين الإخوة أنصاف الأشقاء Half-sib Covariance.

(١٤,٧) تقدير معامل الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي من جدول تحليل التباين والتغاير

إذا فرضنا وجود عدد من الطلائق (S) Sires وكل طلوقة ممثلة بمجموعة n من نسله أو نتاجه وكل فرد في هذه المجموعة له صفتان هما X ، Y والمراد معرفة معامل الارتباط الوراثي و المظهري والبيئي بين هاتين الصفتين. لذلك يعمل تحليل

التباين للصفة الأولى (X) وآخر للصفة الثانية (Y) كما سبق شرحه ثم يعمل تحليل للتغاير Analysis of covariance بين الصفتين و يقسم لنفس مصادر التباين هذه مع افتراض أن معامل التربية الداخلية بين الأفراد في العشيرة يساوي صفراً.

(١٤, ٧, ١) تحليل التباين والتغاير للتصميم ذو العامل الواحد One-way layout

من العلوم أن طريقة ونماذج الحل في تحليل التباين هي نفسها المستعملة عند تقدير المكافئ الوراثي. ويجب أن تستخرج القيم : $\sigma^2_{S_{(X)}}, \sigma^2_{S_{(Y)}}, \sigma^2_{e_{(X)}}, \sigma^2_{e_{(Y)}}$ لكل من الصفتين كما ذكر سابقا. وفي هذا التصميم يكون كل ذكر يلقح عدداً من الإناث وينتج عن كل تلقيحه نسلاً واحداً فقط و يتم قياس الصفات على النسل كما هو شائع في الحيوانات وحيدة الأجنة مثل الماشية.

(١٤, ٧, ٢) النموذج الوراثيGenetic Model

أشار Becker, 1984 إلى أن مكونات التغايرات الوراثية والبيئية Genetic and environmental covariances تكون كما يلي :

مكونات التغاير	Cov_A	Cov_D	Cov_{AA}	Cov_{AD}	Cov_{DD}	Cov_{AAA}	Cov_E
Cov_S	1/4	0	1/16	0	0	1/64	0
Cov_e	3/4	1	15/16	1	1	63/64	1

ويلاحظ هنا أن التغاير المحسوب من المكون الأبوي يحتوى على ربع التغاير التجمعي وجزء من التغاير التفوقي ولا يوجد تغاير سيادي .

(١٤, ٧, ٣) تحليل التباين والتغاير

إن تحليل التباين والتغاير بين الصفتين X ، Y يمكن توضيحه في الجدول رقم (٤ , ١٤).

الجدول رقم (٤ ,١٤): تحليل التباين والتغاير Analysis of variance and covariance لتقدير معاملات الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي

مصدر التباين	DF	متوسط المربعات المتوقعة Expected Mean Squares (EMS) X	Y	متوسط حاصل ضرب القيم Mean Cross-Product (MCP)	متوسط حاصل ضرب القيم المتوقع Expected Mean Cross-Product (EMCP)
بين الطلائق	S-1	$\sigma^2_{e(X)} + K\sigma^2_{S(X)}$	$\sigma^2_{e(Y)} + K\sigma^2_{S(Y)}$	MCP_S	$Cov_e + kCov_S$
بين النسل داخل الطلائق	n.-S	$\sigma^2_{e(X)}$	$\sigma^2_{e(Y)}$	MCP_e	Cov_e

حيث Cov_S = التغاير الأبوي بين الصفتين

Cov_e = تغاير النسل داخل الطلائق بين الصفتين.

(٤ ,٧ ,١٤) صيغ تكوين جدول تحليل التغاير

يوضح الجدول رقم (٥ , ١٤) الصيغ الرياضية لتكوين جدول تحليل التغاير.

الجدول رقم (٥ ,١٤). الصيغ الرياضية لتكوين جدول تحليل التغاير لتقدير معاملات الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي.

مصدر التغاير	مجموع حاصل الضرب بين الصفتين (SCP)	متوسط حاصل ضرب الصفتين (MCP)
معامل التصحيح Correction Term (CT)	$CT = \frac{(X..)(Y..)}{n}$	
بين الطلائق Between sires	$SCP_S = \frac{\sum X_{i.} Y_{i.}}{n_i} - CT$	$(SCP_S)/(S-1) = MCP_S$
بين النسل داخل الطلائق Progeny within sires	$SCP_e = \sum_i \sum_j X_{.ij} Y_{ij} - \sum_i \frac{X_{i.} Y_{i.}}{n_i}$ $SCP_e = SCP_{Total} - SCP_{Sire}$	$SCP_e /(n. - S) =$ MCPe
Total	$SCP_{Total} = \sum_i \sum_j X_{.ij} Y_{ij} - CT$	

تقدير مكونات التغاير (Cov_e & Cov_S) Covariance component :

$$Cov_e = MCP_e \quad \text{.....................(١٤ , ٤)}$$

$$Cov_S = \frac{(MCP_S - MCP_e)}{K} \quad \text{........(١٤ , ٥)}$$

(١٤, ٧, ٥) تقدير الارتباطات بين الصفتين

(١٤, ٧, ٥, ١) تقدير الارتباط الوراثي (r_G)

إن الصيغة العامة لتقدير الارتباط هي :

$$r_{XY} = \frac{Cov_{XY}}{\sqrt{(\sigma^2_X)(\sigma^2_Y)}} \quad \text{................(١٤ , ٦)}$$

ومن ثم فإن معادلة تقدير الارتباط الوراثي (r_G) تكون :

$$r_G = \frac{4Cov_S}{\sqrt{(4\sigma^2_{S(X)})(4\sigma^2_{S(Y)})}} \quad \text{..............(١٤ , ٧)}$$

عند حذف أربعة من البسط والمقام فإن :

$$r_G = \frac{Cov_S}{\sqrt{(\sigma^2_{S(X)})(\sigma^2_{S(Y)})}} \quad \text{..............(١٤ , ٨)}$$

أما التفسير الوراثي لمعامل الارتباط الوراثي فهو :

$$(١٤,٩)\ldots \quad r_G = \frac{[Cov_A + {}^1/_4 Cov_{AA} + \ldots\ldots]}{\sqrt{[\sigma^2{}_{A_{(X)}} + {}^1/_4 \sigma^2{}_{AA_{(X)}} + \ldots\ldots][\sigma^2{}_{A_{(Y)}} + {}^1/_4 \sigma^2{}_{AA_{(Y)}} + \ldots\ldots]}}$$

(١٤, ٧, ٥, ٢) تقدير الارتباط البيئي (r_E) Environmental correlation

$$(١٤,١٠)\ldots \quad r_E = \frac{Cov_e - 3Cov_S}{\sqrt{[\sigma^2{}_{e_{(X)}} - 3\sigma^2{}_{S(X)}][\sigma^2{}_{e_{(Y)}} - 3\sigma^2{}_{S(Y)}]}}$$

وإن التفسير الوراثي لبسط معامل الارتباط البيئي يكون :

$$Cov_D + 12/16\ Cov_{AA} + Cov_{AD} + Cov_{DD} + 60/64\ Cov_{AAA} + \ldots\ldots\ldots\ Cov_E$$

وطريقة هذه المعادلة نفسها يمكن حساب التفسير الوراثي لمقام معامل الارتباط البيئي.

(١٤, ٧, ٥, ٣) تقدير الارتباط المظهري (r_P) Phenotypic correlation

$$(١٤,١١)\ldots \quad r_P = \frac{Cov_e + Cov_S}{\sqrt{[\sigma^2{}_{e_{(X)}} + \sigma^2{}_{S(X)}][\sigma^2{}_{e_{(Y)}} + \sigma^2{}_{S(Y)}]}}$$

(١٤, ٧, ٦) أمثلة محلول لتقدير معاملات الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي من جدول تحليل التباين والتغاير

مثال محلول رقم (١) : البيانات التالية لصفة الوزن عند الميلاد (X_1) وصفة الوزن عند الفطام (X_2) بالكجم لمجموعة من الحملان الناتجة من أربعة كباش. والمطلوب حساب معامل الارتباط الوراثي (r_G) والمظهري (r_P) والبيئي (r_E) بين هاتين الصفتين :

الكباش Rams										
	1		2		3		4			
	X_1	X_2	X_1	X_2	X_1	X_2	X_1	X_2	$X_{1..}$	$X_{2..}$
	4.5	27.1	4.1	24.8	3.9	24.3	4.1	25.0		
	4.3	25.5	4.2	25.1	3.8	24.0	4.2	26.0		
	4.4	26.4	3.6	23.0	3.9	25.0	4.6	27.5		
	3.9	24.3	3.8	24.1	4.1	25.4	4.8	30.1		
	4.5	27.0	4.1	25.0	4.0	25.1	4.3	26.3		
	4.1	24.3	4.0	25.0	4.1	25.3	4.2	25.9		
	4.3	25.7	4.1	25.2	3.9	24.3	4.3	26.2		
	4.4	26.1	4.0	24.9	4.4	26.2	3.8	24.1		
	4.6	28.0	4.2	26.0	4.3	26.0	3.7	23.8		
	4.4	29.1	4.3	26.1	4.0	25.1	4.1	25.1		
$\sum X$	43.4	263.5	40.4	249.2	40.4	250.7	42.1	260.0	$\sum X_1=$ 166.3	$\sum X_2=$ 1023.4
$\sum X^2$	188.7	6964	163.6	6217.1	163.5	6289.7	178.2	6789.5	$\sum X_1^2=$ 694.09	$\sum X_2^2=$ 26260.38
$\frac{(\sum X)^2}{n}$									$\frac{(\sum X_1)^2}{n}$ =692	$\frac{(\sum X_2)^2}{n}=$ 26198
$\sum X_1X_2$	1079.28								4267.93	
$(X_{1.})(X_{2.})$									$\sum(X_{1.})(X_{2.})=$ 4257.79	

حساب مجموع المربعات لصفة الوزن عند الميلاد (X_1):

$CT = (166.3)^2 /40 = 691.39$

$SS_{Total} = 694.09 - 691.39 = 2.7$

$SS_{Rams} = \{[(43.4)^2 + ...+ (42.1)^2]/10\} - 691.39$

$= 692.03 - 691.39 = 0.639$

$SS_e = SS_{Total} - SS_{Rams} = 2.7 - 0.639 = 2.061$

حساب مجموع المربعات لصفة الوزن عند الفطام(X_2) :

$CT = (1023.4)^2 /40 = 26183.69$

$SS_{Total} = 26260.38 - 26183.69 = 76.69$

$SS_{Rams} = \{[(263.5)^2 + ... + (260.0)^2] /10\} - CT$

$=26198.34 - 26183.69 = 14.65$

$SS_e = SS_{Total} - SS_{Rams} = 76.69 - 14.65 = 62.04$

حساب حاصل الضرب بين الصفتين :

$$CT = \frac{(X..)\,(Y..)}{n}$$

$CT = (166.3)(1023.4) /40 = 4254.79$

$$SCP_{Total} = \sum_i \sum_j X_{.ij} Y_{ij} - CT$$

$SCP_{Total} = 4267.93 - CT = 4267.93 - 4254.79 = 13.14$

$$SCP_S = \frac{\sum X_{i.} Y_{i.}}{n_i} - CT$$

$SCP_{Rams} = \{[(43.4)(263.5) + ...+(42.1)(260)] /10\} - CT$

$= 4257.79 - 4254.79 = 3.0$

$SCP_e = SCP_{Total} - SCP_{Rams} = 13.14 - 3.0 = 10.14$

ومن ثم يكون جدول تحليل التباين والتغاير لصفتي الوزن عند الميلاد والوزن عند الفطام كما يلي :

مصدر التباين	DF	مجموع المربعات SS			متوسط المربعات MS		
		SS_{X1}	SS_{X2}	SCP_{X1X2}	MS_{X1}	MS_{X2}	MCP_{X1X2}
بين الكباش Between rams	3	0.639	14.65	3.0	0.213	4.883	1.0
بين الحملان داخل الكباش Lambs within rams (Error)	36	2.061	62.04	10.14	0.0572	1.723	0.282
Total	39	2.7	76.69	13.14			

ومن متوسط المربعات Mean squares ومتوسط حاصل الضرب للصفتين Mean cross-product يمكن إيجاد متوسطات المربعات المتوقعة **(EMS)** Expected Mean squares لكل صفة على حدة وكذلك متوسطات حاصل الضرب المتوقعة بين الصفتين **(EMCP)** Expected Mean Cross- Product كما يلي :

مصدر التباين	DF	متوسط المربعات المتوقعة EMS		متوسط حاصل الضرب المتوقعة EMS
		EMS_{X_1}	EMS_{X_2}	$EMCP_{X_1X_2}$
بين الكباش Between rams	3	$\sigma^2_{e(X1)} + 10\sigma^2_{R(X1)}$	$\sigma^2_{e(X^2)} + 10\sigma^2_{R(X2)}$	$Cov_{e(X1X2)} + 10\,Cov_{R(X1X2)}$
بين الحملان داخل الكباش Lambs within rams (Error)	36	$\sigma^2_{e(X1)} = 0.0572$	$\sigma^2_{e(X2)} = 1.723$	$Cov_{e(X1X2)} = 0.282$

حساب مكونات التباين لصفة الوزن عند الميلاد(X_1) وصفة الوزن عند الفطام (X_2) :

$$\sigma^2_{e(X1)} = 0.0572$$

$$\sigma^2_{e(X2)} = 1.723$$

$$\sigma^2_{Ram(X1)} = \frac{\left[MS_{Ram(X1)} - MS_{e(X1)}\right]}{k} = \frac{(0.213 - 0.0572)}{10} = 0.016$$

$$\sigma^2_{Ram(X2)} = \frac{\left[MS_{Ram(X2)} - MS_{e(X2)}\right]}{k} = \frac{(4.883 - 1.723)}{10} = 0.32$$

حساب المكافئ الوراثي لكل صفة :

$$h^2_{X1} = \frac{4(0.016)}{0.016 + 0.0572} = 0.87$$

$$h^2_{X2} = \frac{4(0.32)}{0.32 + 1.723} = 0.62$$

حساب التغاير الوراثي بين الصفتين :

$$\text{Cov}_e = \text{MCP}_e = 0.282$$

$$\text{Cov}_S = \frac{(\text{MCP}_S - \text{MCP}_e)}{K} = \frac{(1.0 - 0.282)}{10} = 0.071$$

أ) تقدير الارتباط الوراثي (r_G) :

$$r_G = \frac{Cov_S}{\sqrt{(\sigma^2_{S(X1)})(\sigma^2_{S(X2)})}} = \frac{0.071}{\sqrt{(0.016)(0.32)}} = 0.98$$

ب) تقدير الارتباط البيئي (r_E):

$$r_E = \frac{Cov_e - 3Cov_S}{\sqrt{[\sigma^2 e_{(X1)} - 3\sigma^2_{S(X1)}][\sigma^2 e_{(X2)} - 3\sigma^2_{S(X2)}]}}$$

$$r_E = \frac{0.282 - 3(0.071)}{\sqrt{[0.0572 - 3(0.016)]\,[1.723 - 3(0.32)]}} = 0.83$$

ج) تقدير الارتباط المظهري (r_p) :

$$r_P = \frac{Cov_e + Cov_S}{\sqrt{[\sigma^2 e_{(X1)} + \sigma^2{}_{S(X1)}][\sigma^2 e_{(X2)} + \sigma^2{}_{S(X2)}]}}$$

$$\therefore r_P = \frac{0.282 + 0.071}{\sqrt{[0.0572 + 0.016][1.723 + 0.32]}} = 0.91$$

مثال محلول رقم (٢) : ورد عن جلال وكرم ٢٠٠٣م جدول تحليل التباين والتغاير بين الوزن عند الميلاد ومعدل النمو حتى الفطام في الأغنام التالي :

مصدر التباين	DF	MS		MCP
		وزن الميلاد (X_1)	معدل النمو (X_2)	
بين الكباش	16	0.378	0.001753	0.013512
بين الحملان داخل الكباش	282	0.236	0.000667	0.003116

فإذا كانت قيمة k = ١٤,٩٢ فاحسب معامل الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي بين الصفتين، ثم احسب قيمة المكافئ الوراثي لكل صفة على حدة.

$$\sigma^2{}_{Ram(X1)} = \frac{\left[MS_{Ram(X1)} - MS_{e(X1)}\right]}{k} = \frac{(0.378 - 0.236)}{14.92} = 0.00947$$

$$\sigma^2{}_{Ram(X2)} = \frac{\left[MS_{Ram(X2)} - MS_{e(X2)}\right]}{k} = \frac{(0.001753 - 0.000667)}{14.92} = 0.000073$$

والجدير بالذكر أنه يمكن من هذه البيانات الموجودة حساب المكافئ الوراثي للصفتين كما يلي:

حساب المكافئ الوراثي لصفة الوزن عند الميلاد :

$$h^2{}_{X1} = \frac{4\ (0.0095)}{(0.0095 + 0.236)} = 0.16$$

حساب المكافئ الوراثي لمعدل النمو :

$$h^2{}_{X2} = \frac{4\ (0.000073)}{(0.000073\ +\ 0.000667)} = 0.39$$

حساب التغاير الوراثي بين الصفتين :

$$Cov_{Ram(X1X2)} = \frac{\left[Cov_{Ram} - Cov_e\right]}{k} =$$

$$Cov_{Ram(X1X2)} = \frac{(0.013512 - 0.003116)}{14.92} = 0.000697$$

أ) تقدير الارتباط الوراثي (r_G) :

$$r_G = \frac{Cov_S}{\sqrt{(\sigma^2{}_{S(X1)})(\sigma^2{}_{S(X2)})}} = \frac{0.000697}{\sqrt{(0.00947)\ (0.000073)}} = 0.899$$

ب) تقدير الارتباط البيئي (r_E) :

$$r_E = \frac{Cov_e - 3Cov_S}{\sqrt{[\sigma^2 e_{(X1)} - 3\sigma^2{}_{S(X1)}][\sigma^2 e_{(X2)} - 3\sigma^2{}_{S(X2)}]}}$$

$$r_E = \frac{0.003116\ -\ 3(0.000697)}{\sqrt{\ [0.236\ -\ 3(0.0095)]\ [0.000667\ -\ 3(\ 0.000073)]}}$$

$$= \frac{0.001025}{(0.2076)\ (0.00045)} =\ 0.11$$

ج) تقدير الارتباط المظهري (r_p) :

$$r_P = \frac{Cov_e + Cov_S}{\sqrt{[\sigma^2 e_{(X1)} + \sigma^2{}_{S(X1)}][\sigma^2 e_{(X2)} + \sigma^2{}_{S(X2)}]}}$$

$$= \frac{0.003116 + 0.000697}{\sqrt{(0.236 + 0.0095)(0.000667 + 0.000073)}} = 0.28$$

تمارين للحل

١ – البيانات التالية تمثل وزن أربعة أشهر (X_1) ووزن ثمانية أشهر (X_2) بالكجم لمجموعة من الحملان الناتجة من ثلاثة كباش (ثلاثة حملان لكل كبش) :

	الكبش الأول		الكبش الثاني		الكبش الثالث		$X_{1..}$ $X_{2..}$
	X_1	X_2	X_1	X_2	X_1	X_2	
	22	58	24	72	28	72	
	18	48	22	58	26	64	
	16	42	18	42	16	42	
ΣX	56	148	64	172	70	178	498 190
ΣX^2							
ΣX_1X_2							

أكمل الجدول السابق ثم أجري ما يلي :

١ – تكوين جدول تحليل التباين والتغاير للصفتين.

٢– حساب المكافئ الوراثي (h^2_s) لكل صفة على حدة.

٣– حساب الارتباط الوراثي (r_G) بين الصفتين.

٢- البيانات التالية لإنتاج اللبن والدهن لشهر ما بالكجم في مجموعة من النعاج (بنات) وأمهاتها أحسب معامل الارتباط الوراثي (r_G) بين الصفتين :

إنتاج اللبن في الأمهات (X_1)	إنتاج الدهن في الأمهات (X_2)	إنتاج اللبن في البنات (Y_1)	إنتاج الدهن في البنات (Y_2)
36	8.5	34	7.5
38	8.8	32	7.2
35	7.2	36	6.5
42	9.8	38	7.5
51	10.2	48	7.6
42	9.8	40	8.6
46	8.2	44	7.6
45	9.2	41	8.6
43	7.2	40	6.4
48	9.8	47	8.2
50	10.2	52	11.5
52	9.8	51	10.6
41	8.2	38	6.6
40	9.8	42	7.2
47	8.2	45	7.5

٣- سلالة من الماعز توافر لدينا ثلاثة تيوس وأعطى كل تيس ثلاثة من النتاج وكانت البيانات المتحصل عليها لوزن الجسم عند عمر الميلاد (X_1) وعمر الفطام (X_2) كالتالي:

تيس رقم ٣		تيس رقم ٢		تيس رقم ١	
X_1	X_2	X_1	X_2	X_1	X_2
1.4	6	2.1	8	0.8	4
1.2	5	2.0	7	0.6	6
1.8	8	1.8	6	0.7	7

فما هو النموذج الإحصائي الواجب استخدامه لتحليل تلك البيانات لتقدير معامل الارتباط الوراثي والمظهري والبيئي بين الصفتين. وما هي المكونات الوراثية لكل المقاييس الوراثية المقدرة.

الفصل الخامس عشر

الأسس الوراثية للانتخاب

(١ , ١٥) مفهوم الانتخاب Concept of Selection

يعتبر الانتخاب هو الوسيلة الثانية بخلاف طرق التربية المعروفة سابقا (مثل التربية الطرزية وخلط السلالات) والتي يستخدمها مربي الحيوان في التحسين الوراثي لحيواناته. ولقد كان الانتخاب مقرونا بالتربية الداخلية أو خلط السلالات أو بهما معا هو السبيل لتكوين سلالات عديدة من الماشية والأغنام والخنازير والأرانب والدواجن المتخصصة في أنواع الإنتاج المختلفة. يُعرف الانتخاب في أوسع معانيه بأنه اختيار لبعض الأفراد في قطيع ما لتعطي نسلا أكثر من أفراد أخرى في نفس القطيع. إذا رغب أحد المربين اختيار كبشين ومائة من النعاج في قطيع من الأغنام لتكون أباء للجيل التالي فإن الكباش والنعاج في هذه الحالة تسمى بالآباء المنتخبة Selected parents أما بقية أفراد القطيع فإنها تستبعد وتسمى بالحيوانات المستبعدة Culled animals. وإذا استُخدم هذان الكبشان لتلقيح أعداد متساوية من النعاج، بالتالي تكون هناك فرصة أن يعطيا أعداداً متساوية من المواليد وعليه فإن الانتخاب يكون موجها في هذه الحالة لهذين الكبشين بدرجة واحدة. أما استخدام الكبش الأول لتلقيح ٦٠ ٪ من النعاج واستخدام الثاني لتلقيح النعاج المتبقية فإنه سيترتب على ذلك أن يعطي الكبش الأول نسلا أكثر من الكبش الثاني وهذا يعني أن الانتخاب موجه للكبش الأول بدرجة أشد مما هو موجه للكبش الثاني.

(١٥, ٢) أنواع الانتخاب Kinds of Selection

(١٥, ٢ , ١) الانتخاب الطبيعي Natural Selection

هو الانتخاب الذي يتم بمعرفة القوى الطبيعية ويسيطر علية قانون البقاء للأصلح Survival is for the fittest تحت ظروف بيئية معينة. ويمكن أن نتفهم الانتخاب الطبيعي إذا أخذنا في الاعتبار أثر البيئية لبعض حيوانات المزرعة فمثلا درجات الحرارة العالية جدا والمنخفضة تحت الصفر في المناطق الصحراوية والقاحلة قد تكون سببا في نفوق الأغنام الضعيفة سواء كان هذا الضعف ناتجا عن صغر السن أو كبره. وتبعا لذلك نجد أن هناك ميلا للطبيعة لكي تنتخب ضد الأغنام الضعيفة وبالتالي تبقى الأغنام القوية فقط للتناسل والمحافظة على النوع. والانتخاب الطبيعي عملية معقدة يتحكم فيها عوامل عدة نذكر منها :

١- الاختلاف في نسبة نفوق الأفراد خصوصا قبل النضج الجنسي.

٢- الاختلاف في طول فترة النشاط الجنسي.

٣- درجة النشاط الجنسي نفسها.

٤- الاختلاف في خصوبة الأفراد.

(١٥ , ٢ , ٢) الانتخاب الصناعي Artificial Selection

هو الانتخاب الذي يتم بمعرفة الإنسان حيث من خلاله يحدد الحيوانات التي تستخدم لتعطي أفراد الجيل التالي وأيضا التي تعطي نسلا أكثر من الآخر. والانتخاب الصناعي مازال سببا رئيساً في وجود الاختلافات التي نجدها حاليا في صفات الشكل الظاهري والصفات الإنتاجية بين السلالات المختلفة لكل نوع من حيوانات المزرعة. فمثلا نجد هناك اختلافا واضحا في صفات الشكل والإنتاج بين سلالات الأغنام وبين سلالات الماعز. قديما كان يمارس الانتخاب في حيوانات المزرعة على أساس الصفات الشكلية ولون الجلد ولكنه الآن أصبح يمارس على أساس مستوى أداء الحيوان في صفاته الإنتاجية وقد تأكد بما لا يدعو مجالا للشك بأن الصفات الشكلية ليست الدليل المؤكد على القدرة الإنتاجية للحيوان. هذا ويجرى الانتخاب للصفات التالية على سبيل المثال في ماشية اللبن والماعز والأغنام :

الأغنام Sheep	الماعز Goats	ماشية اللبن Dairy Cattle
محصول اللبن	صفات الإدرار مثل محصول اللبن	محصول اللبن
صفات الصوف	عدد المواليد عند الميلاد أو الفطام	محصول الدهن
وزن المواليد عند الميلاد أو الفطام	وزن المواليد عند الميلاد أو الفطام	محصول البروتين
أوزان الجسم بعد الفطام	أوزان الجسم بعد الفطام	تركيز الخلايا الجسمية في الحليب
معدلات النمو في وزن الجسم	معدلات النمو بعد الفطام	مثابرة إنتاج اللبن
وزن الذبيحة للحملان	وزن الذبيحة للجديان	حجم الضرع
كفاءة تحويل الغذاء إلى لبن أو لحم أو صوف	كفاءة تحويل الغذاء إلى لبن أو لحم	

ويعتبر الانتخاب الصناعي الذي يقوم به مربي الحيوان من العمليات الصعبة حيث لا يمكنه انتخاب جين دون آخر أو حتى جاميطة دون أخرى حيث إن أصغر وحدة يمكنه أن ينتخبها أو يستبعدها هي الحيوان نفسه. و يزيد من صعوبة هذه العملية أن يتم الانتخاب لأكثر من صفة في وقت واحد.

(١٥,٣) الأثر الوراثي للانتخاب

يمكن تلخيص الأثر الوراثي للانتخاب في النقاط التالية :

١- الانتخاب لا يخلق جينات جديدة و لكنه يؤدى إلى تغيير تكرار الجين. والتغير الذي يحدث في تكرار الجين يكون دائماً Permanent حتى إذا توقف الانتخاب إلا إذا حدث انتخاب فعال في الاتجاه المضاد.

٢- التحسين الناتج عن الانتخاب للتأثير التفوقي والتأثير السيادي يكون مؤقتاً Temporary بينما التحسين الناتج عن الانتخاب للتأثير التجمعي (المضيف) يكون دائماً حتى بعد توقف الانتخاب.

٣- الانتخاب للصفات المرتبطة بالجنس Sex-linked characters يكون أكثر فاعلية في الجنس غير المتماثل الجاميطات Hetero-gametic sex عنه في الجنس المتماثل الجاميطات Homo-gametic sex ولذلك يفضل انتخاب الطلائق عن انتخاب الإناث.

(٤ , ١٥) العوامل المؤثرة في كفاءة الانتخاب
Factors Influencing Selection Efficiency

يمكن التعبير عن كفاءة الانتخاب بأنها كمية التحسين التي يصل إليها المربي بعد أداء الانتخاب خلال فترة زمنية معينة وبالتالي فإنه كلما ازداد هذا التحسين كلما زادت كفاءة الانتخاب والعكس يكون صحيحا.

التحسين بعد جيل من الانتخاب = الفارق الانتخابي × المكافئ الوراثي.

لذا فإن كل العوامل التي تؤثر على الفارق الانتخابي أو المكافئ الوراثي أو طول فترة الجيل سوف تؤثر بدورها في كفاءة عملية الانتخاب ومن ثم يمكن تلخيص أهم هذه العوامل فيما يلي :

(١ , ٤ , ١٥) عوامل تؤثر في قيمة الفارق الانتخابي :

أ) نسبة الأفراد المنتخبة :

تتناسب نسبة الأفراد المنتخبة تناسبا عكسيا مع قيمة الفارق الانتخابي. بمعنى أخر أنه كلما قلت نسبة الأفراد المنتخبة زادت شدة الانتخاب وزاد الفارق الانتخابي. وتتأثر نسبة الأفراد المنتخبة بما يلي :

١- عدد الأفراد اللازم انتخابهم ليكونوا أباء للجيل التالي : ومن الملاحظ أن هذا العدد يزيد في القطعان المتزايدة الحجم عام بعد عام عن القطعان الثابتة الحجم. وبصفة عامة تقل نسبة الأفراد المنتخبة كلما قل هذا العدد وقد لوحظ أنه بالنسبة لذكور التلقيح الصناعي نجد أن نسبة عدد الأفراد اللازمين للانتخاب كآباء تقل كثيرا عندما يكون التلقيح طبيعيا.

٢- عدد الحيوانات المتاحة للانتخاب : الأفراد المنتخبة تتناسب عكسيا مع قيمة هذا العدد. ومعنى ذلك أن كل ما يتيح إلى زيادة هذا العدد يعمل على زيادة الفارق الانتخابي مثل ارتفاع معدلات الخصوبة والتناسل وزيادة عدد المواليد وقلة معدل النفوق وعلى الأخص في الفترة التي تسبق النضج الجنسي.

ب) الجنس :

من المعروف في الحيوانات الزراعية باستثناء الحمام أن نسبة الأفراد اللازم انتخابهم كآباء من الذكور تكون أقل من نظيرتها في الإناث؛ لأننا دائما نحتاج إلى عدد

أقل من الذكور. وعلى هذا الأساس نجد أن الفارق الانتخابي للذكور يكون دائما أكبر من الفارق الانتخابي للإناث.

ج) متوسط أداء القطيع :

ارتفاع مستوى أداء القطيع يقلل من فرصة وجود أفراد تتفوق أساسا عن هذا المتوسط. وهذا يقلل من قيمة الفارق الانتخابي والعكس يكون صحيحا عندما يكون هناك انخفاض في مستوى القطيع.

د) الانحراف المعياري :

يزداد الفارق الانتخابي بزيادة الانحراف المعياري للصفة المراد الانتخاب لها. وقد وجد أن اتباع التربية الداخلية يقلل من هذا الاختلاف بين الحيوانات ومن ثم تقلل من الانحراف المعياري وبالتالي يقل الفارق الانتخابي للصفة المنتخب لها. في حين وجد أن اتباع التربية الخارجية يزيد من هذا الاختلاف وبالتالي يزداد الانحراف المعياري للصفة ومن ثم يزداد الفارق الانتخابي لها.

هـ) عدد الصفات التي ينتخب لها في وقت واحد :

كلما زادت عدد الصفات التي تؤخذ في الاعتبار عند الانتخاب قل الفارق الانتخابي لكل صفة على حدة. وعندما يؤخذ في الاعتبار الانتخاب لأكثر من صفة فإن معدل النقص في الفارق الانتخابي (Δ_s) لكل صفة على حده يمكن حسابه كالآتي :

$$\Delta_S = \sqrt{\frac{1}{n}} \qquad \text{(١٥ , ١)}$$

حيث n = عدد الصفات التي تؤخذ في الاعتبار عند الانتخاب. فإذا كان لدينا أربعة صفات فإن معدل النقص في الفارق الانتخابي يكون :

$$\Delta_S = \sqrt{\frac{1}{n}} = \frac{1}{2}$$

أي بمعنى آخر أن الفارق الانتخابي يمكن أن ينقص بمقدار النصف عند الانتخاب لأربعة صفات في وقت واحد.

(٢ , ٤ , ١٥) العوامل التي تؤثر على المكافئ الوراثي

تتمثل معادلة حساب المكافئ الوراثي بالمفهوم المحدد **(h^2)** في :

h^2 = التباين التجمعي ÷ (التباين التجمعي + التباين السيادي + التباين التفوقي + التباين البيئي + تباين تداخل الوراثة والبيئة)

$$h^2 = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_E + \sigma^2_{GE}} \quad \ldots\ldots (١٥ , ٢)$$

لذا كلما نقص البسط أو ازداد المقام أدى ذلك إلى انخفاض في المكافئ الوراثي ومن ثم تنخفض كفاءة الانتخاب ويقل العائد من الانتخاب. ويتضح ذلك فيما يلي:

١- نقص التباين التجمعي(σ^2_A) :

قد ينتج ذلك إذا كانت الصفة المراد تحسينها كانت تحت الانتخاب لمدة طويلة ووصل تكرار الجين إلى قيمة صغيرة جدا أو كبيرة جدا ومن ثم تنخفض نسبة التراكيب الوراثية الخليطة إلى درجة ضئيلة الأمر الذي يؤدي إلى نقص نسبة التباين الوراثي التجمعي وبالتالي تنخفض قيمة المكافئ الوراثي وتقل كفاءة الانتخاب. ولعلاج مثل هذه الحالة يتم تلقيح إناث القطيع بذكور من قطيع آخر يفوقه في هذه الصفة، وبذلك ترتفع نسبة التراكيب الوراثية الخليطة ويزداد بالتالي نسبة التباين التجمعي.

٢- التباين السيادي (σ^2_D) :

إذا كان التباين السيادي كبير نسبياً فيجب الالتفات إلى الأبناء للحكم على آباءها أي يجرى اختبار النسل Progeny test، أي تنتخب الآباء على أساس المظهر الإنتاجي لأبنائها . أما إذا كان هناك تأثير سيادة فائقة Over-dominance يجب أن نلجأ إلى طرق أخرى غير الانتخاب الفردي مثل الخلط أو التهجين بين خطوط أو طرز معينة.

٣- التباين التفوقي (σ^2_I) :

إذا كان التباين التفوقي كبيرا فإنه يجب اتباع التربية الطرزية Line breeding مع استمرار الانتخاب حتى لا تتدهور الصفة بسرعة إلى ما كانت عليه قبل الانتخاب، وفي حالة أهمية التباين التفوقي يمكن اتباع التربية الداخلية لتقسيم القطيع إلى خطوط أو طرز ثم خلط كل اثنين منهما معا، ثم أخذ مجموعة الطرز التي تثبت تفوقها وامتيازها وتربى عشوائيا لكي تخلط جميع عواملها الوراثية ثم تربى داخليا مرة أخرى لإنتاج طرز جديدة تخلط من جديد وهكذا.

٤- ارتفاع التباين البيئي (σ^2_E) :

ازدياد التباين البيئي يؤدي إلى انخفاض المكافئ الوراثي وبالتالي تقل كفاءة (عائد) الانتخاب. ولعلاج هذه الحالة يفضل أن تتعرض جميع أفراد القطيع إلى ظروف بيئية موحدة بقدر الإمكان، وهذا يؤدي إلى انخفاض التباين البيئي وارتفاع قيمة المكافئ الوراثي. وفي حالة أن يكون التباين الوراثي متوسطا وفي نفس الوقت كان التباين البيئي مرتفعا فيمكن استخدام بعض الطرق الإحصائية لفصل واستبعاد آثار البيئة في هذه الحالة.

٥- تداخل البيئة والوراثة (σ^2_{GE}) :

إذا كان التباين الناتج عن تداخل الوراثة والبيئة كبير فهذا يعني أن الأفراد التي تمتلك تراكيب وراثية ممتازة وتعطي مظهراً إنتاجياً مرتفعاً في بيئة معينة ليس من الضروري أن تثبت امتيازها وتفوقها في بيئة أخرى. وفي هذه الحالة يجب إجراء الانتخاب في البيئة التي نتوقع أن يعيش فيها نسل الأفراد المنتخبة.

(٣ ,٤ ,١٥) فترة الجيل Generation interval

فترة الجيل هي الفترة التي تنقضي بين حدوث مرحلتين متناظرتين بين الفرد ونسله. وهذه الفترة تختلف من جنس إلى جنس آخر وغالبا تحسب على أساس أنها الفترة بين البلوغ الجنسي للفرد والبلوغ الجنسي لنسله. ويبين الجدول رقم (١ ,١٥) فترة الجيل لبعض حيوانات المزرعة. ومن المعروف أنه بزيادة فترة الجيل يتناقص الفارق الانتخابي ومن ثم تتناقص الاستجابة للانتخاب. أي يقل التحسين الوراثي عن كل جيل من الانتخاب.

الجدول رقم (١٥,١). فترة الجيل في حيوانات المزرعة المختلفة.

النوع	طول فترة الجيل بالسنة	النوع	طول فترة الجيل بالسنة
الحصان	٦–٧	الأغنام	٣–٣,٥
الإبل	٥–٧	الماعز	٢ – ٣
الجاموس	٥ – ٦	الخنازير	٢–٢,٥
ماشية اللبن	٤–٤,٥	الدجاج	١–١,٥
ماشية اللحم	٤,٥ - ٥	الأرانب	٨ شهور – ١

مثال محلول : إذا كان المكافئ الوراثي لمحصول اللبن في قطيع ما من ماشية اللبن هو ٠,٢٥ والأفراد المنتخبة ذكوراً وإناثاً تزن ٤٠٠ كجم وبمعدل أعلى من متوسط القطيع وفترة الجيل أربع سنوات، فاحسب مقدار العائد الوراثي (التحسين الوراثي) الناتج عن الانتخاب لسنة واحدة.

الحل

العائد بعد جيل من الانتخاب = الفارق الانتخابي x المكافئ الوراثي

= ٤٠٠ x ٠,٢٥ = ١٠٠ كجم

وهذا المقدار من التحسين لأربع سنوات وبمعلومية أن فترة الجيل في ماشية اللبن = ٤ سنوات، من ثم فإن التحسين الوراثي لسنة واحدة = ١٠٠ ÷ ٤= ٢٥ كجم.

(١٥,٤,٤) عدد الجينات التي تتحكم في الصفة المنتخب لها

تقل الكفاءة الانتخابية كلما زاد عدد الجينات للصفة المنتخب لها.

(١٥,٤,٥) وجود الارتباط الوراثي السالب بين الصفات

وجود الارتباط الوراثي السالب بين الصفات يقلل من الكفاءة الانتخابية.

(١٥ , ٥) الفارق الانتخابي Selection Differential

يُعرف الفارق الانتخابي والذي يرمز له بالرمز S بأنه الفرق بين متوسط أداء الأفراد المنتخبة Selected parents $(\overline{X}_S)$ لتكون أباء للجيل التالي ومتوسط أداء القطيع Herd average $(\overline{X}_h)$ المنتخب منه هذه الآباء بالنسبة لصفة معينة. أي أن :

$$S = \overline{X}_S - \overline{X}_h \qquad \text{(١٥ ,٣)}$$

فالفارق الانتخابي عبارة عن مقياس لمتوسط تفوق الآباء المنتخبة على متوسط أداء القطيع المنتخب منه هذه الآباء بالنسبة لصفة ما. فكلما زاد الفارق الانتخابي لصفة ما زاد تفوق الآباء المنتخبة عن متوسط القطيع وبالتالي يزداد متوسط أداء الأبناء، لذلك يعمل المربي دائما قدر ما تسمح به ظروف الانتخاب في قطيعة أن يحقق فارق انتخابي كبير. ومن المعروف أنه كلما قلت نسبة الحيوانات المنتخبة أمكن انتخاب حيوانات عالية الإنتاج وبالتالي يمكن زيادة الفارق الانتخابي.

(١٥ , ٦) شدة الانتخاب Intensity of Selection

تُعرف شدة الانتخاب والتي يرمز له بالرمز i بأنها عبارة عن متوسط تفوق الآباء المنتخبة عن متوسط القطيع مقدراً بوحدات انحراف معياري:

شدة الانتخاب = (متوسط الآباء المنتخبة – متوسط القطيع) ÷ الانحراف المعياري

$$i = \frac{(\overline{X}_S - \overline{X}_h)}{\sigma} \qquad \text{(١٥ ,٤)}$$

والفارق الانتخابي عندما يعبر عنه بوحدات قياسية من الانحراف المعياري يسمى بشدة الانتخاب. ومن ثم فإن :

شدة الانتخاب لصفة ما = الفارق الانتخابي ÷ الانحراف المعياري لهذه الصفة

$$i = \frac{S}{\sigma} \quad \text{.......................(١٥ ,٥)}$$

ومن مكونات المعادلات السابقة يمكن استخلاص الحقائق التالية :

١- تزداد شدة الانتخاب كلما قلت نسبة الأعداد المنتخبة كآباء إلى العدد الكلى المتاح للانتخاب بالقطيع. وعادة يتحكم في نسبة الأعداد المنتخبة عدد الحيوانات الموجودة في القطيع وعدد الحيوانات المراد استخدامها كآباء للجيل التالي (معدل الإحلال Replacement rate) للمحافظة على بقاء حجم القطيع ثابتاً. ولذلك نجد أنه كلما قل النفوق في القطيع ازداد عدد أفراده وبالتالي تزداد شدة الانتخاب.

٢- تزداد شدة الانتخاب كلما قل معدل الإحلال بالقطيع. ولذلك فإن شدة الانتخاب في ذكور حيوانات المزرعة (ما عدا الحمام) يكون أكبر مما هو في الإناث حيث إن أعداد الذكور المستخدمة كآباء تكون أقل بكثير من أعداد الإناث. وتبلغ شدة الانتخاب للذكور معدلا كبيراً عند استخدام التلقيح الصناعي. ويوضح الجدول رقم (٢ ,١٥) معدلات الإحلال التي يجب أن تتبع عند انتخاب ذكور وإناث حيوانات المزرعة للمحافظة على ثبات القطيع عدديا.

الجدول رقم (٢ ,١٥). نسبة الإحلال المئوية من الذكور والإناث للمحافظة على ثبات حجم القطيع في الحيوانات الزراعية المختلفة.

الحيوان	إناث	ذكور
الحصان	٣٥-٤٠	٢-٤
ماشية اللبن	٤٠- ٥٠	١-٥
ماشية اللحم	٤٠-٥٠	٣-٥
الأغنام	٥٠- ٦٠	٥ - ١٠
الماعز	٥٥ - ٦٥	٥-١٠
الخنازير	٣٠-٤٠	٥-١٠
الدجاج	٣٠-٤٠	٢- ٥
الأرانب	٥٠-٦٠	٥-١٠

(١٥, ٧) العلاقة بين الفارق الانتخابي وشدة الانتخاب

أشار Lush 1958 للعلاقة بين نسبة الحيوانات المنتخبة كآباء وشدة الانتخاب، أي علاقة الجزء المنتخب بالفارق الانتخابي معبرا عنه بوحدات انحراف معياري للصفة المنتخب لها (الجدول رقم ١٥,٣). وبالاستعانة بهذا الجدول رقم (١٥,٣) يمكننا تقدير الفارق الانتخابي باستخدام المعادلة التالية:

$$S = (i)(\sigma) \quad \text{.........................(١٥,٦)}$$

حيث :

i = شدة الانتخاب والتي تعرف بمعرفة نسبة الحيوانات المنتخبة (المستبقاة) كآباء للجيل التالي.

σ = الانحراف المعياري للصفة المنتخب لها.

مثال محلول رقم (١) : في قطيع من الماعز البلدي كان متوسط إنتاج اللبن السنوي في القطيع ٤٠٠ كجم والانحراف القياسي لمحصول اللبن ٨ كجم فاحسب الفارق الانتخابي ومتوسط أداء الأفراد المنتخبة كآباء في الحالات التالية:

١- عند انتخاب (استبقاء) ٥٠ ٪ من الآباء :

٢- عند انتخاب ٢٠ ٪ من الآباء :

٣- عند انتخاب ١٠ ٪ من الآباء :

الحل

١- عند انتخاب (استبقاء) ٥٠ ٪ من الآباء:

شدة الانتخاب من الجدول = ٠,٨ تقريبا.

الفارق الانتخابي = ٠,٨ × ٨ = ٦,٤ كجم .

متوسط أداء الآباء المنتخبة = ٤٠٠ + ٦,٤ = ٤٠٦,٤ كجم.

٢- عند انتخاب ٢٠ ٪ من الآباء:

شدة الانتخاب من الجدول = ١,٤٠ تقريبا.

الفارق الانتخابي = ١,٤ × ٨ = ١١,٢ كجم .

متوسط أداء الآباء المنتخبة = ٤٠٠ + ١١,٢ = ٤١١,٢ كجم.

٣- عند انتخاب ١٠ ٪ من الآباء:

شدة الانتخاب من الجدول = ١,٧٥٥

الفارق الانتخابي = ١,٧٥٥ × ٨ = ١٤,٠٤ كجم .

متوسط أداء الآباء المنتخبة = ٤٠٠ + ١٤,٠٤ = ٤١٤,٠٤ كجم.

الجدول رقم (١٥,٣). العلاقة بين الجزء المنتخب من الحيوانات وشدة الانتخاب، أي الفارق الانتخابي معبرا عنه في صورة وحدات انحراف معياري.

الجزء المنتخب (٪)	شدة الانتخاب (i)	الجزء المنتخب (٪)	شدة الانتخاب (i)	الجزء المنتخب (٪)	شدة الانتخاب (i)
١	٢,٦٦٥٢	١٦	١,٥٢٠٧	٤٢	٠,٩٣٠٧
٢	٢,٤٢٠٩	١٨	١,٤٥٧٨	٤٤	٠,٨٩٦٤
٣	٢,٢٦٨١	٢٠	١,٣٩٩٨	٤٦	٠,٨٦٢٠
٤	٢,١٥٤٣	٢٢	١,٣٤٥٨	٤٨	٠,٨٣٠١
٥	٢,٠٦٢٧	٢٤	١,٢٩٥٣	٥٠	٠,٧٩٧٩
٦	١,٩٨٥٤	٢٦	١,٢٤٧٦	٦٠	٠,٦٤٣٩
٧	١,٩١٨١	٢٨	١,٢٠٢٢	٧٠	٠,٤٩٦٧
٨	١,٨٥٨٣	٣٠	١,١٥٩٠	٨٠	٠,٣٥٠٠
٩	١,٨٠٤٣	٣٢	١,١١٧٥	٩٠	٠,١٩٥٠
١٠	١,٧٥٥٠	٣٤	١,٠٧٧٧	٩٥	٠,١٠٨٥
١١	١,٧٠٩٤	٣٦	١,٠٣٩٢	٩٨	٠,٠٢٣٦
١٢	١,٦٦٧٠	٣٨	١,٠٠٢٠	١٠٠	صفر
١٤	١,٥٨٩٨	٤٠	٠,٩٦٥٩		

المصدر : Lush (1958)

وعادة في حيوانات المزرعة ما عدا الحمام نجد أن ذكر واحد ممكن استخدامه لتلقيح أكثر من أنثى طبيعيا. فمثلا الكبش يمكن أن يلقح طبيعيا ٤٠ – ٨٠ نعجة في العام، والثور ممكن أن يلقح ٣٠ –٥٠ بقرة في العام. وتبعا لذلك نجد أن نسبة الذكور المنتخبة تكون قوى من نظيرتها للإناث و بالتالي فإن شدة الانتخاب للذكور تكون قوى من شدة الانتخاب للإناث وفي هذه الحالة يمكن حساب الفارق الانتخابي للآباء المنتخبة بأن يحسب الفارق الانتخابي للذكور المنتخبة وللإناث المنتخبة كل على حده ثم يؤخذ متوسط القيم الناتجة.

مثال محلول رقم (٢) : لقطيع الماعز البلدي السابق وصفه، فاحسب الفارق الانتخابي للإباء المنتخبة عند انتخاب ٥ ٪ من الذكور، ٦٠ ٪ من الإناث.

الحل

الفارق الانتخابي للذكور = ٢,٠٦ x ٨ = ١٦,٤٨ كجم.

الفارق الانتخابي للإناث =٠,٦٤ x ٨ = ٥,١٢ كجم .

الفارق الانتخابي لجيل الآباء =(١٦,٤٨ + ٥,١٢)÷ ٢ = ١٠,٨ كجم.

متوسط أداء الآباء المنتخبة = ٤٠٠ + ١٠,٨ = ٤١٠,٨ كجم .

ويمكن أيضا حساب الفارق الانتخابي الكلي بحساب متوسط شدة الانتخاب للذكور والإناث ثم ضرب الناتج في الانحراف المعياري. أي أن:

الفارق الانتخابي الكلى = [(شدة الانتخاب للذكور + شدة الانتخاب للإناث) ÷٢] (الانحراف المعياري).

(١٥,٨) التنبؤ بمتوسط أبناء الآباء المنتخبة (التنبؤ بمتوسط النسل بعد الانتخاب)

من المعروف وراثيا أن مقدار تفوق الآباء المنتخبة لا يورث كما هو، والسبب في ذلك أن هذا التفوق جزء منة يرجع إلى الأثر البيئي (وهذا لا ينتقل من جيل إلى جيل)، وجزء آخر يرجع إلى الأثر السيادي (وهذا الجزء لا ينتقل كما هو من جيل إلى جيل)، وجزء ثالث يرجع إلى الأثر التفوقي (وهذا أيضا لا ينتقل من جيل إلى أخر)، وجزء

أخير وهو أهم الأجزاء راجع إلى الأثر التجمعي (المضيف) وهو الذي ينتقل كما هو من جيل إلى جيل. مما تقدم يتضح لنا أن تفوق الآباء المنتخبة عن متوسط القطيع ينتقل من جيل إلى جيل بمعدل يعادل نسبة التباين التجمعي لي التباين الكلى أي بمعدل يعادل المكافئ الوراثي للصفة المنتخب لها. والتحسين الوراثي في الأبناء (ΔG) بعد جيل من الانتخاب أو بمعنى آخر الاستجابة للانتخاب يمكن حسابهم بالمعادلة التالية:
التحسين الوراثي بعد جيل من الانتخاب = الفارق الانتخابي x المكافئ الوراثي.

$$\therefore \Delta G = (S)(h^2) \quad \text{..................(١٥ , ٧)}$$

وعليه فإن متوسط النسل بعد جيل من الانتخاب = متوسط القطيع + الاستجابة للانتخاب.

$$\therefore \overline{X} = \overline{X}_h + \Delta G \quad \text{..................(١٥ , ٨)}$$

ومن المعلوم سابقا أن شدة الانتخاب لصفة ما = الفارق الانتخابي ÷ الانحراف القياسي، وأن الفارق الانتخابي = شدة الانتخاب × الانحراف القياسي ، وأن التحسين الوراثي أو العائد بعد جيل من الانتخاب = الفارق الانتخاب × المكافئ الوراثي، وبالتعويض عن الفارق الانتخابي بمكوناته نجد أن:
التحسين بعد جيل من الانتخاب = شدة الانتخاب × الانحراف القياسي × المكافئ الوراثي .

أي أن :

$$\therefore \Delta G = (i)(\sigma)(h^2) \quad \text{.............(١٥ , ٩)}$$

رأينا من المعادلة السابقة أن الفارق الانتخابي لا يورث كله إلى النسل ولكن جزءا منه فقط يعادل المكافئ الوراثي هو الذي يورث فقط وهذا يوضح **علاقة المكافئ الوراثي بالفارق الانتخابي**. وعلى هذا الأساس فإننا نجد أن متوسط الأبناء يرتد عن متوسط الآباء المنتخبة وفي اتجاه متوسط القطيع . ويتناسب هذا الارتداد تناسبا عكسيا مع المكافئ الوراثي.

(٩ , ١٥) أمثلة محلولة لتقدير الفارق والعائد الانتخابي

مثال محلول رقم (١) : إذا افترض أن متوسط وزن التسويق عند ثلاثة شهور في قطيع ما من الأرانب كان ٢٣٥٠ جم وأن متوسط الآباء المنتخبة عند هذا العمر هو ٢٥٦٠ جم وأن المكافئ الوراثي للصفة = ٠,٣ فكم تكون الزيادة المتوقعة في الأبناء عن باقي القطيع؟

الحل

الفارق الانتخابي لجيل الآباء = ٢٥٦٠ - ٢٣٥٠ = ٢١٠ جم.

متوسط أداء الآباء المنتخبة = ٢٣٥٠ + ٢١٠ = ٢٥٦٠ جم .

العائد الوراثي بعد جيل من الانتخاب يكون:

$$\Delta G = (S)(h^2) = (210)(0.3) = 63 \text{ gram}$$

ومتوسط النسل بعد جيل واحد من الانتخاب = ٢٣٥٠ + ٦٣ = ٢٤١٣ جم.

ويتضح من المعادلة السابقة أن الزيادة في متوسط الأبناء يمكن أن تصبح صفرا في أحد الحالتين أو كليهما:

١- أن يكون الفارق الانتخابي للآباء صفراً.

٢- أن يكون المكافئ الوراثي = صفر. أي عندما لا يوجد تباين وراثي تجمعي.

مثال محلول رقم (٢) : إذا كان متوسط وزن العجل في قطيع ما من ماشية اللبن عند عمر ستة أشهر هو ٢٠٠ كجم. انتخبت عجول تربية (طلائق) متوسط وزنها ٣٠٠ كجم وعجلات تربية متوسط وزنها ٢٥٠ كجم من هذا القطيع فإذا كان المكافئ الوراثي لصفة الوزن عند هذا العمر = ٠,٣ فماذا تتنبأ بمتوسط وزن أفراد الجيل الأول بعد الانتخاب.

الحل

الفارق الانتخابي للذكور = ٣٠٠ - ٢٠٠ = ١٠٠ كجم.

الفارق الانتخابي للإناث = ٢٥٠ - ٢٠٠ = ٥٠ كجم .

الفارق الانتخابي لجيل الآباء =(١٠٠ + ٥٠)÷ ٢ = ٧٥ كجم .

متوسط الآباء المنتخبة = ٢٠٠ + ٧٥ = ٢٧٥ كجم .

الاستجابة للانتخاب = الفارق الانتخابي x المكافئ الوراثي

= ٧٥ x ٠,٣ = ٢٢,٥ كجم

متوسط وزن أفراد الجيل الأول بعد الانتخاب = ٢٠٠ + ٢٢,٥ = ٢٢٢,٥ كجم.

مثال محلول رقم (٣) : إذا افتراضنا أن وزن الفطام لقطيع ما من ماشية اللحم هو ١٥٠ كجم وأجرى انتخاب لهذه الصفة داخل القطيع وكان متوسط الوزن عند هذا العمر يعادل ١٦٠ كجم للإناث، ١٧٠ كجم للذكور المنتخبة وإذا كان المكافئ الوراثي = ٠,٢٥ فاحسب متوسط وزن الأبناء الناتجة من هذا الانتخاب عند عمر الفطام.

الحل

الفارق الانتخابي للإناث = ١٦٠ - ١٥٠ = ١٠ كجم

الفارق الانتخابي للذكور = ١٧٠ - ١٥٠ = ٢٠ كجم

الفارق الانتخابي للآباء المنتخبة =(١٠ + ٢٠) ÷ ٢ = ١٥ كجم .

الاستجابة للانتخاب = الفارق الانتخابي × المكافئ الوراثي = ١٥ × ٠,٢٥ = ٣,٧٥ كجم.

متوسط وزن الأبناء الناتجة من الانتخاب عند عمر الفطام = ١٥٠ + ٣,٧٥ = ١٥٣,٧٥ كجم.

تمارين للحل رقم (١) : إذا كان متوسط طول خصلة الصوف لأغنام النجدي هو ١٢ سم فإذا علمت أن المكافئ الوراثي لهذه الصفة هو ٠,٤ وانحرافها القياسي هو ٠,٤ سم فاحسب متوسط طول الخصلة في الحملان الناتجة من الانتخاب في كل من الحالات التالية :

أ) يتم انتخاب ٣٠٪ من الكباش، ٦٠٪ من النعاج.

ب) يتم انتخاب ١٪ من الكباش، ٧٠٪ من النعاج.

تمارين للحل رقم (٢) : مربيان أحداهما ينتخب ٢٪ من الكباش في قطيعه على أساس وزن الجزة والآخر ينتخب ٢٠٪ من الكباش في قطيعه لنفس الصفة. فإذا علمت أن المكافئ الوراثي لهذه الصفة هو ٠,٤ في حين انحرافها القياسي هو ٠,٣ كجم فما مقدار التحسين الوراثي بعد جيل من الانتخاب عن طريق الكباش فقط.

(١٠ , ١٥) طرق الانتخاب المظهرية في الحيوانات الزراعية

يمكن توضيح طرق الانتخاب المظهرية في الحيوانات الزراعية فيما يلي :

(١ , ١٠ ,١٥) الانتخاب لصفة واحدة

أولاً : الانتخاب باختبار مظهر أداء الصفة Performance test

ويشتمل على الطرق التالية :

١- الانتخاب الفردي Individual selection أو ما يطلق عليه الانتخاب الكتلي Mass selection.

٢- الانتخاب العائلي Family selection.

٣- الانتخاب داخل العائلة Within-Family selection.

ثانياً : الانتخاب باختبار النسل Progeny test

ثالثاً : الانتخاب المشترك Combined Selection

رابعاً : الانتخاب باستخدام معلومات الأسلاف والأقارب Relatives and Pedigree test

(٢ , ١٠ ,١٥) الانتخاب لأكثر من صفة

ويشتمل على الطرق التالية :

١- الانتخاب المتسلسل Tandem selection.

٢- الانتخاب بالاستبعاد بالمستويات المستقلة Independent culling levels selection.

٣- الانتخاب باستخدام أدلة الانتخاب Selection indexes.

وسنقوم بشرح كل طريقة من هذه الطرق بالتفصيل في فصول مستقلة بكتاب «التحسين الوراثي للحيوان» للمؤلف نفسه حيث يتناول الكتاب توضيح لمميزات ومحددات وطريقة تنفيذ كل طريقة على حدة.

(١١ , ١٥) الانتخاب للجينات الكبرى Selection for Major Gene

هناك بعض الجينات الفردية المؤثرة بصورة كبرى Major genes في بعض الصفات الإنتاجية في الحيوانات الزراعية أو الدواجن مثل الجين القزمي في الدجاج Dwarf gene وجين ازدواج العضلات في ماشية اللحم Double muscling. فظاهرة الدجاج القزمى الجسمي Autosomal dwarfism ترجع إلى وجود جين متنحي جسمي يرمز له بالرمز adw. ومن المعلوم أن هذه الصفة يحكم وراثتها زوج واحد من الجينات الجسمية وأن وجود الجين المتنحي adw يسبب صفة القزمية ووجود أليله Adw يسبب أن تكون الأفراد طبيعية في الحجم. فإذا تزاوجت أفراد قزمية بأفراد طبيعية فتكون أفراد الجيل الأول جميعها ذات حجم طبيعي مما يدل على أن الأفراد الطبيعية سائدة على الأفراد القزمية، وإذا تركت أفراد الجيل الأول لتتزاوج مع بعضها فإن أفراد الجيل الثاني تقع في فئتين مظهريتين بنسبة ثلاثة أفراد ذات حجم طبيعي : فرد واحد قزم كما هو موضح بعد :

أباء الجيل الأول: دجاج قزمي x دجاج طبيعي

Adw Adw X adw adw

الجيل الأول: **Adw adw** دجاج ذو حجم طبيعي

الجيل الثاني: **1 Adw Adw: 2 Adw adw : 1 adw adw**

3 Adw - : 1 adw adw

أي بنسبة فرد واحد قزم : ٣ أفراد ذات حجم طبيعي

كذلك فإن جين البورولا Booroola gene يعتبر من الجينات الكبرى التي تؤثر على الخصوبة وزيادة عدد المواليد في الأغنام .

(١٢ , ١٥) الانتخاب بمساعدة الواسمات الوراثية (MAS) Marker Assisted Selection.

مع استخدام تقنيات تحليل الحمض النووي DNA ورسم الخرائط الكروموسومية Chromosomal maps في الحيوانات الزراعية المختلفة أمكن التعرف على بعض الجينات وتحديدها على الكروموسوم والتي تؤثر في صفة كمية بدرجة كبيرة أو معرفة ما إذا كانت هذه المواقع الجينية لهذه الجينات عن قرب أم لا لجينات أخرى موجودة على الكروموسوم وتؤثر في هذه الصفة. والمواقع الجينية التي تؤثر في صفة كمية يطلق عليها المواقع الجينية للصفات كمية Quantitative traits Loci ويرمز لها بالرمز QTL. ومن خلال تحديد هذه المواقع يمكن الانتخاب مباشرة للصفة الكمية وذلك بتحليل الحمض النووي للأفراد المرشحين كآباء وانتخاب الأفراد الذين يوجد بهم هذه الجينات المسئولة عن الصفة الكمية. وقد يكون هناك موقع جيني معين لا يؤثر في الصفة الكمية موضع الانتخاب ولكنه مرتبط بجينات يؤثر عليها ولهذا يمكن الانتخاب المباشر للجينات الثانية ومن ثم الانتخاب للصفة الكمية موضع التحسين الوراثي بمساعدة جينات واسمة Marker Genes، فالجينات الواسمة تعطي علامة أو بصمة على وجود جينات أخرى لا يمكن التعرف عليها بصورة مباشرة. وفي هذا المضمون فقد أشار (Weller 2001) في كتابه إلى إمكانية الاستفادة من تحديد المواقع الجينية المرتبطة بالصفات الكمية للانتخاب بمساعدة الجينات الواسمة والتي تعرف بالمصطلح (MAS) Marker Gene Assisted Selection وذلك في حالة العشائر عشوائية التزاوج وفي حالة وجود ارتباط بين مظهر الصفة الكمية والواسمات الوراثية. وباستعراض المراجع الحديثة المنشورة في هذا المضمون يمكن عرض نتائج بعض تطبيقات الانتخاب بمساعدة الواسمات فيما يلي:

- ورد عن Lande and Thompson 1990 بأن الانتخاب بمساعدة الواسمات MAS أفضل بنسبة ٥٠٪ مقارنة بدليل الانتخاب في حالة انخفاض قيمة المكافئ الوراثي للصفة موضع الانتخاب.

• قام Zhang and Smith 1992 بمقارنة العائد الوراثي من خلال الانتخاب بمساعدة الواسمات MAS مقارنة بالانتخاب المظهري أو بالطريقتين معا وتبين من هذه الدراسة أن العائد الوراثي باستخدام الطريقتين معا يتراوح بين ١٠ - ٣٠٪ مقارنة بالانتخاب المظهري باستخدام طريقة أحسن متنبأ خطي غير متحيز BLUP للتقييم الوراثي.

• ورد عن (1998) Milan et al، (1998) Walling et al أن الانتخاب بمساعدة الواسمات MAS حقق نجاحا في الخنازير لمدة ثلاثة أجيال وأتضح من هذه الدراسة تحديد المواقع الجينية المرتبطة بصفات الدهن بالظهر والبطن وأتضح أن هذه المواقع الجينية موجودة على الكروموسوم رقم ٤.

• ورد عن Raune and Colleau 1996 أن الانتخاب بمساعدة الواسمات MAS حقق زيادة في العائد الوراثي قدرها ٦-١٥٪ خلال ستة أجيال في ماشية اللبن. وحذر الباحثان من انخفاض العائد الوراثي بمقدار ١٥٪ في حالة الانتخاب بمساعدة واسمات اختيرت خطأ.

• قام Walling et al 2002 باستخدام الواسمات MAS في تكوين أباء نهائية متميزة Terminal sires في أغنام التكسل Texel والسافولك Suffolk وقد أظهرت هذه الأغنام معدلات عالية في النمو ومواصفات جيدة للحم.

ويوضح الجدول رقم (٤, ١٥) كفاءة الانتخاب باستخدام الواسمات الوراثية MAS مقارنة بالانتخاب المظهري في حالة صفة واحدة أو صفتين. يتضح من هذا الجدول أن الانتخاب باستخدام الواسمات الوراثية يفيد بدرجة كبيرة في حالة الصفات منخفضة المكافئ الوراثي سواء كان لصفة واحدة أو لصفتين. يضاف إلى ذلك أن ارتفاع التباين الوراثي التجمعي الراجع إلى المواقع الجينية المرتبطة بالصفات الكمية (QTL) مؤثر بدرجة ملحوظة في الانتخاب حيث تزداد كفاءة الانتخاب بارتفاع التباين الوراثي التجمعي الراجع إلى المواقع الجينية المرتبطة بالصفات الكمية مقارنة بانخفاضه.

الجدول رقم (٤ ,١٥). مقارنة كفاءة الانتخاب بمساعدة الواسمات الوراثية MAS بالانتخاب المظهري لصفة واحدة أو صفتين.

المكافئ الوراثي	كفاءة الانتخاب باستخدام MAS مقارنة بالانتخاب المظهري عند نسب مختلفة من نسبة التباين الوراثي التجمعي الراجع إلى المواقع الجينية المرتبطة بالصفات الكمية (QTL)			
	σ_A^2 for QTL = 0.10		σ_A^2 for QTL = 0.30	
	الانتخاب المظهري لصفة واحدة	الانتخاب المظهري لصفتين+	الانتخاب المظهري لصفة واحدة	الانتخاب المظهري لصفتين+
٠,٠٥	١,٦٨	٢,٧	٢,٥٥	٤,٤٧
٠,١٠	١,٣٥	١,٩٥	١,٨٧	٣,١٦
٠,٢٠	١,١٥	١,٤٦	١,٤٢	٢,٢٤
٠,٤٥	١,٠٥	١,١٢	١,١١	١,٤٩

+ الارتباط الوراثي والمظهري في حالة الانتخاب المظهري لصفتين = –٤ ,٠ وأن المكافئ الوراثي للصفتين متساوي.

المصدر: Weller (2001)

المراجع

أولا : المراجع العربية

١ – أحمد، محمد خير عبد الله ١٩٩٢م : *مقدمة في الوراثة الكمية* (ترجمة لكتاب فالكونر، د.س. ١٩٨٩م) – جامعة عمر المختار البيضاء – الجماهيرية العربية الليبية.

٢– جلال، صلاح والطويل، عصام وعشماوي، عبد الحليم ١٩٨٨م -*الإحصاء الحيوي ومقدمة في تصميم التجارب* – مركز التنمية البشرية والمعلومات – القاهرة.

٣– جلال، صلاح وكرم، حسن ٢٠٠٣م: *كتاب تربية الحيوان* – الطبعة السادسة – مكتبة الأنجلو المصرية.

٤– خليل، ماهر والحميدان، إبراهيم ٢٠٠٣م -*كتاب تربية وتحسين الدواجن* – النشر العلمي والمطابع – جامعة الملك سعود – المملكة العربية السعودية – ٥٠٦ صفحة.

٥– عبد التواب، فتحي محمد ١٩٩٣م – *البيولوجيا الجزيئية* (*مدخل الهندسة الوراثية*) – المكتبة الأكاديمية – القاهرة.

٦– مستجير، أحمد ١٩٦٦م: *كتاب مقدمة في علم تربية الحيوان* – مكتبة الأنجلو المصرية.

٧– مستجير، أحمد ١٩٨٠م: *كتاب التحسين الوراثي لحيوانات المزرعة* – الطبعة الأولى – مكتبة غريب بالفجالة – القاهرة.

٨– مستجير، أحمد ١٩٩٨م: *البيوتكنولوجيا في الطب والزراعة* – المكتبة الأكاديمية – القاهرة.

٩– مستجير، أحمد ١٩٩٩م : *الطريق إلى دوللي وما بعد الطريق* – كتاب مترجم للمؤلف كولاتا جينا - الهيئة المصرية العامة للكتاب – القاهرة.

ثانياً : المراجع الأجنبية

Abd El-Aziz M.M., Afifi, E.A., Bedier, Nayera Z., Azamel, A.A. and Khalil, M. H., 2002. Genetic evaluation of milk production and litter weight traits in Gabali, New Zealand White rabbits and their crosses in a newly reclaimed area of Egypt. 3rd Scientific Conference on Rabbit Production in Hot Climates, 8-11 October 2002, 103-116.

Abd El-Lattef H.A.E., 2002. Studies on milk recording systems in buffaloes. Ph.D. Thesis, Faculty of Agriculture, Cairo University, Egypt.

Abdel-Raheem, A.A., 1998. Genetic studies on Zaraiby goats. Ph.D. Thesis, Faculty of Agriculture, Ain Shams University, Cairo, Egypt.

Abdel-Salam M.M., 1991. Phenotypic and genetic parameters for lifetime production of goats in Egypt. Alex. J. Agric. Res., 36 (3): 11-27.

Abdel-Salam M.M., Haider, A.E., Aboul-Naga A.M., El-Kimmary, I.S. and Eissa, M., 1994. Improving performance of desert Barki kids by crossing with Zaraibi and Damascus goats. Egyptian J. Animal Production, 31(1): 85-97.

Abdel-Salam, S.A.M., El-Saied, U.M., Abou-Bakr, S. and Ibrahim, M.A.M., 2001. Phenotypic and genetic parameters of milk production traits of a Holstein commercial herd in Egypt. Egyptian J. Animal Production, 38(2): 87-96.

Abou-Bakr, S., 1996. The use of different milk recording schemes for sire evaluation of dairy cattle and buffaloes under field conditions. Ph.D. Thesis, Faculty of Agriculture, Cairo University, Egypt.

Abou-Bakr, S., El-Saied, U.M., and Ibrahim, M.A.M., 2000. Genetic and phenotypic parameters for milk yield, days open and number of services per conception of Holstein cows of a commercial herd in Egypt. Egyptian J. Animal Production, 37(1): 9-17.

Aboul-Naga A.M., 1970. Effect of crossing Merino sheep with Barki and Ossimi sheep on some productive traits. Ph.D. Thesis, Faculty of Agriculture, Ain Shams University, Cairo, Egypt. pp. 89, 92, 101

Aboul-Naga A.M., 1988. Finnsheep and their crosses under subtropical conditions. J. Agric. Sci. (Finland), 60: 473-480.

Aboul-Naga, A.M. and A.S. El-Shobokshy, 1974. Fattening performance and carcass quality of Suffolk crossbred lambs compared with Ossimi. Agricultural Research Review, June 1974, Cairo, 52: 63-72.

Aboul-Naga A.M. and E.A. Afifi, 1977. Environmental and genetic factors affecting wool production from subtropical coarse wool sheep. J. Agric. Sci., Camb., 88: 443-447.

Aboul-Naga A.M. and E.A. Afifi, 1980. Crossing subtropical Egyptian sheep with Hampshire to improve their lamb production. J. Agric. Sci., Camb., 108: 617-621.

Aboul-Naga, A. M., and E. A. Afifi., 1982. Genetic and phenotypic parameters of lamb performance traits in Ossimi, Rahmani and Barki local sheep. 6th Int. Conf. Anim. Poult. Prod. Zagazig. Sept. Vol. I: 365-370.

Aboul-Naga A.M., E.A. El-Tawil, E.S.E. Galal, F. Labban and S.S. Khishin, 1972. The effect of crossing Merino with Ossimi and Barki sheep on some productive traits. J. Agric. Sci. Camb., 78: 275-280.

Aboul-Naga A.M., Mansour, H. and Afifi E.A., 1989. Genetic aspects of reproductive performance in local fat-tailed breeds of sheep. Egyptian J. Genetics and Cytology, 14: 11-20.

Aboul-Naga A.M., M.B. Aboul-Ela, H. Mansour and M. Gabr, 1989. Reproductive performance of Finn sheep and crosses with subtropical breeds under accelerated lambing. Small Ruminant Research, 2: 143-150.

Afifi, E.A. and Khalil, M.H., 1992. Crossbreeding experiments of rabbits in Egypt: Synthesis of results and overview. Options Mediterraneennes-Serie Seminaires, No 17: 35-52, Spain.

Afifi, E.A., Khalil, M.H. and Emara, M.E., 1989. Genetic effects on maternal performance and litter preweaning traits in doe rabbits. Journal of Animal Breeding and Genetics, 106: 358-362, West Germany.

Afifi, E.A., Khalil, M.H., Abdel-Glil, M.F. and Sultan, Z.A., 1992. Estimation of genetic parameters and sire values for milk production of Friesian cattle raised in Egypt. Egyptian J. Anim. Prod., 29(2):197-214.

Afifi, E.A., Khalil, M.H., Khadr, A. F. and Youssef, Y.M.K., 1994. Heterosis, maternal and direct effects for postweaning growth traits and carcass performance in rabbit crosses. Journal of Animal Breeding and Genetics, 111: 138-147, Germany.

Ahlborn-Breier, G. and Hohenboken, W.D., 1991. Additive and nonadditive genetic effects on milk production in dairy cattle: Evidence for major individual heterosis. J. Dairy Sci., 74(2): 592-602.

Ahmed, M. A., 1991. Genetic studies on sheep performance. M. Sc. Thesis, Ain Shams University, Egypt. pp. 92,94,96.

Almahdy, H. M. M., 1987. Estimation of genetic parameters of some reproductive traits in Native fat-tailed sheep. M.Sc. Thesis, Assiut University, Egypt.pp. 41,43,44,66.

Al-Shinnawy, M.A., 1993. Performance of Finn-cross lambs in Egypt. M.Sc. Thesis, Faculty of Agric., Ain Shams Univ., Cairo, Egypt.

Arafa, S.A., 1996. Genetic analysis for some productive traits in purebred and graded dairy cattle under Egyptian conditions. Ph.D. Thesis, Faculty of Agric., Moshtohor, Zagazig Univ., Egypt.

Arafa, S.A., Khalil, M.H., Afifi, E.A. and Zahed, S.M., 1998. Genetic evaluation of some reproductive performance traits in three upgrading trials of dairy cattle raised in hot climate. Egyptian Journal of Animal production (1998), 35(2): 91-108.

Arafa, S.A., Afifi, E.A., Khalil, M.H. and Aly, H.M., 2000. Heterotic components for birth weight in three up-grading trials of dairy cattle raised in Egypt. Egyptian-African Conference for Animal Production, 6-9 November 2000, Alexandria, Egypt.

Archibald, A., Brown, J., Couperwhite , S. , McQueen, H., Nicholson, D., Haley, C., Couppieters, W., Van de Weghe, A., Stratil, A., Wintero, A., Fredholm, M., Larson, N., Nielsen, V., Milan, D., Woloszyn, N., Robic, A., Dalens, M., R., Riquet, J., Gellin, J., Caritez, J.C., Hue, D., Burgaud, G., Ollivier, L., Bidanel, J.P., Vaiman, M., Renard, C., Geldermann, H., Davoli, R., Ruyter, D., Verstege, E., Groenen, M., Johansson, M., Marklund, L., Miller, R., Dear, D., Signer, E., Jeffreys, A., Moran, C., Le Tissier, P., Muladno, Rothschild, M., Tuggle, C., Vaske, D., Helm, J., Liu, H.C., Rahman, A., Yu, T.P., Larson, R.G. and Schmitz, C., 1994. The PiGMap consortium linkage map of the pig (Sus scrofa). Mammal Genome, 6:157-175.

Ashmawy, A.A., 1981. A selection index for the improvement of some economic traits in dairy cattle under local conditions. Ph.D. Thesis, Faculty of Agric., Ain Shams Univ., Egypt.

Beattie, C.W., 1994. Livestock Genome maps. Trends in Genetics, 10: 334-338.

Becker, W.A., 1984. Manual of quantitative genetics. (Fourth Edition) Academic Enterprises, Pullmon, W.A., USA.

Beevers, J.E. George, P. D., Fernando, R.L., Stormont, C.J. and Lewin, H.A., 1990. Associations between genetic markers and growth and carcass traits in a paternal half-sib family of Angus cattle. J. Animal Science, 68:337.

Bidanel, J.P., Milan, D., Chevalet, C., Woloszyn, N., Caritez, J.C., Gruand, J., Le Roy, P., Bonneau, M., Renard, C., Vaiman, M., Gellin, J. and Ollivier, L., 1996. Chromosome 7 mapping of a quantitative trait locus for fat androstenone level in Meishan x Large White F_2 entire male pigs. Proceeding of European Association of Animal Production.

Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van Tassell, C. P., and Kachman, S. D., 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, USA.

Bolet, G., Monnerot, M., Arnal, C., Arnold, J., Bell, D., Berggoglio, G., Besenfelder, U., Bosze, S., Boucher, S., Brun, J.M., Chanteloup, N., Ducourouble, M.C., Durand-Tardif, M., Esteves, P.J., Ferrand, N., Hewitt, G., Joly, T., Koehl,, P.F., Laube, T., Lechevestrier, S., Lopez, M., Masoero, G., Piccinin, R., Queney, G., Saleil, G., Surridge, A., Van der Loo, W., Vanhommering, J., Vicente, J.S., Virag, J.S. and Zimmermann, J.M., 1999. A programme for the inventory, characterization, evaluation, conservation and utilization of European rabbit (Oryctolagus Cuniculus) genetic resources. Animal Genetic Resources Information, 25: 57-70.

Bolet, G., Brun, J.M., Monnerot, M., Abeni, F., Arnal, C., Arnold, J., Bell, D., Berggoglio, G., Besenfelder, U., Bosze, S., Boucher, S., Chanteloup, N., Ducourouble, M.C., Durand-Tardif, M., Esteves, P.J., Ferrand, N., Gautier, A., Haas, C., Hewitt, G., Jhl, N., Joly, T., Koehl,, P.F., Laube, T., Lechevestrier, S., Lopez, M., Masoero, G., Menigoz, J.J., Piccinin, R., Queney, G., Saleil, G., Surridge, A., Van der Loo, W., Vicente, J.S., Viudes de Castro, M.P., Virag, J.S. and Zimmermann, J.M., 2000. Evaluation and conservation of European rabbit (Oryctolagus Cuniculus) genetic resources. First results and Inferences. 7th World Rabbit Congress, 3-7 July 2000, Volume A, Valencia, Spain.

Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American J. Human Genetics, 32: 314-331.

Broad, T.E., Glass, B.C., Greer, G.J., Robertson, T.M., Bain, W.E., Lord, E.A. and McEwan, J.C., 2000. Search for a locus near to myostatin that increases muscling in Texel sheep in New Zealand. Proceeding of the New Zealand Society of Animal Production, 60: 110-112.

Burnete, W.N., 1981. Western blotting: Electrophoretic transfer of proteins from sodium dodecyl sulphate-polyacrylamide gels to unmodified nitrocellulose and radiographic detection with antibody and radioiodinate protein. Analytical Biochemistry, 112: 195-199.

Chevalet, C., Bidanel, J.P., Le Roy, P., Milan, D., Vaiman, M., Renard, C., Woloszyn, N., Bourgeois, F., Carritez, J.C., Gruand, J., Gellin, J. and Ollivier, L., 1996. Mapping quantitative trait loci in a Meshian X Large White F2 population. Animal Genetics, 27(Suppl. 2): 112.

Campbell, K.H.S., Mc Whir, Ritchie, W.A. and Wilmut, I., 1996. Sheep cloned by nuclear transfer from a cultured cell line. Nature (London) 380: 64-66.

Cunningham, E.P. and Mahon, G.A.P., 1977. SELIND: A Fortran computer program for genetic selection indexes (User> Guide). Co. Dublin and Dublin University, Ireland.

Dalton, D.C., 1980. An introduction to practical Animal Breeding. Granada, London.

Dickerson, G. E., 1969. Experimental approaches in utilizing breed resources. Animal Breeding Abstracts, 37: 191 (Article).

Dickerson, G.E., 1973. Inbreeding and heterosis in animals. Proc. Animal Breeding and Genetics Symp. in Honor of J. L. Luch :54-77. ADSA and ASAS, Champaign, IL.

Dickerson, G.E, 1992. “Manual for evaluation of breeds and crosses of domestic animals”. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, PP 47, (1992).

El-Kimmary, I.S. and Abdel-Salam, M.M., 1988. Effect of crossbreeding and environmental factors on weights in goats. Computer Sci. Dev. Res. 24(294): 201-214.

El-Kouni M.H., H.A. Karam, E.S.E. Galal and E.A. Afifi, 1974. Crossbreeding and the effect of certain environmental factors on body weights. J. Agric. Sci., Camb., 82: 349-352.

El-Sedafy, E.R.M., 1989. Some reproductive and productive parameters in Friesian cattle in Egypt. M.Sc. Thesis, Faculty of Agric., Ain Shams Univ., Cairo, Egypt.

Fahmy M. H., Galal E. S. E., Ghanem Y. S. and Khishin S. S, 1969. Genetic Parameters of Barki Sheep raised under semi arid conditions. Anim Prod. , 11(3):361-367.

Fahmy, S.K., Fahim, M.A., Atteya, M. and El-Mehallawy, M.K., 1976. Dairy Shorthorn and its crosses in Egypt. Agric. Res. Rev., 54:79-87.

Falconer, D. S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics. «3rd Edition» Longman, London, UK.

Falconer, D. S., and Mackay, F. C., 1996. Introduction to quantitative genetics. «4th edition» Longman Group Ltd, England.

Farghaly, H.M., Nasr, A.S., Soliman, A.S. and Soliman, A.M., 2000. Average effect and substitution of transferrin allele quantitative traits in heifers and cows. 2nd Arab Congress of Genetics and Biotechnology, 23-26 October 2000, Minia University, Minia, Egypt.

Fimland, E.A., 1983. Methods of estimating the effect of heterosis. Z Tierzucht. Zuchtungsbiol. 100:3-12.

Fisher, R.A., 1930. The Genetical Theory of Natural Selection. Clarendon Press, Oxford.

Fooda, T.S., 1995. Studies on growth and milk production in Egyptian buffaloes. M.Sc. Thesis, Faculty of Agric., Ain Shams Univ., Cairo, Egypt.

Galal E.S.E., A.M. Seoudy, A.A. Younis and S.S. Khishin, 1971. Feed lot performance and carcass characteristics of yearling Barki sheep and their crosses with Merino. Alex. J. Agric. Res., 19: 15-23.

Galal E.S.E., A. Aboul-Naga, E.A. El-Tawil and E.S. Khishin, 1972. Estimates of combining abilities and maternal influence in crosses between Merino, Ossimi and Barki sheep. Anim. Prod. 15: 47-52.

Galal E.S.E., Y.S. Ghanem, M.F.A. Farid, M.H. Fahmy and A.E. Seoudy, 1975. Carcass traits and feed-lot performance of Barki, Merino and Awassi breeds of sheep and some of their crosses. Egypt. J. Anim. Prod., 15 (1): 33-46.

Galal E.S.E., A.A. El-Gamal, A.M. Aboul-Naga and M.A. El-Fouly, 1978. Male reproductive characteristics of Merino and Ossimi sheep and their crosses. Anim. Prod., 27: 261-267.

Galal E.S.E., E.A. Afifi, I.S. El-Kimary, I.A. Ahmed and A.F. Shawer, 1981. Lamb survival as affected by inbreeding and crossbreeding. J. Agric. Sci., Camb., 96: 1-5.

Gebriel, E.A.A., 1996. Study on the prediction of buffalo cow transmitting ability. M.Sc. Thesis, Faculty of Agric., Ain Shams Univ., Cairo, Egypt.

Georges, M., Grobet, L., Poncelet, D., Royo, L.J., Pirottin, D. and Brouwers, B., 1998. Positional candidate cloning of the bovine MH locus identifies an allele series of mutations disrupting the myostatin function and causing double muscling in cattle. 7th World Congress Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France.

Guirgis R.A., E.A. Afifi and E.S.E. Galal, 1982. Estimates of genetic and phenotypic parameters of some weight and fleece traits in a coarse-wool breed of sheep. J. Agric. Sci., Camb., 99: 277-285.

Haldane, J.B.S. 1919. The combination of linkage values and the calculation of distances between the loci of linked factors. J. Genetics, 8: 299.

Hammer, K.H.H., Pursel, V.G., Hexroad, C.E., Wall, R.J., Bolt, D.J., Ebert, K.M., Palmiter, R.D. and Brinster, R.I., 1985. Production of transgenic rabbits, sheep and pigs by microinjection. Nature (London), 315: 680.

Hazel, L. N., 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, 28: 476-490.

Hazel, L. N. and Lush, J.L., 1942. The efficiency of three methods of selection. J. Heredity, 33: 393-399.

Henderson, C.R., 1953. Estimation of variance and covariance components. Biometrics, 9: 226-252.

Henderson, C.R., Kempthorne, O., Searle, S.R., Vonkrosigk, 1959. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. Biometrics, 15: 192-218.

Henderson, C.R., 1984. Application of linear models in animal breeding. Univ. of Guelph Press, Guelph, Ontario, Canada.

Hill, W. G., 1982. Dominance and epistasis as components of heterosis. Zeits. Teirz. Zuchtungsb., 99: 161-168.

Jayakar, S.D., 1970. On the detection and estimation of linkage between a locus influencing a quantitative character and a marker locus. Biometrics, 26: 451-464.

Jeffreys, A., Wilson, V., and Thein, S.L., 1985. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. Nature, 314: 67-73.

Kassab, M. H., 1988. Studies on buffaloes in Egypt. Ph.D. Thesis, Faculty of Agric., Tanta Univ., Kafr El-Sheikh, Egypt.

Kempthorne, O., 1957. An Introduction to Genetic Statistics. John Wiley and Sons In. N.Y. and London.

Khalil, M. H., 1994. Lactational performance of Giza White rabbits and its relation with preweaning litter traits. Animal Production 59: 111-115, Britain.

Khalil, M.H , 1997a. Heterosis, maternal and direct genetic effects for litter performance and postweaning growth in Gabali rabbits and their crosses raised under hot climatic conditions. Journal of King Saud University, Agricultural Sciences, 11(2): 121-136.

Khalil, M.H., 1997b. Model for the Description of Rabbit Genetic Resources in Mediterranean Countries. Booklet published by International Center for Advanced Mediterranean Agronomic Studies, Spain, pp 41.

Khalil, M.H., 1999. Rabbit genetic resources of Egypt. Animal Genetic Resources Information (FAO), 26: 95-111, United Nations.

Khalil, M.H., 2003. Sixth Technical Report of project titled "Production of Purebred and Crossbred Parents of Rabbits to be distributed to Breeders in Al-Qassim Region, General Directorate of Research Grants Programs (ARP: 18-62), King Abdulaziz City for Science and Technology, Saudi Arabia.

Khalil, M.H and Khalil, Hamdia H., 1991. Genetic and phenotypic parameters for weaning and preweaning body weights and gain in Bouscat and Giza White rabbits. Journal of Applied Rabbit Research, 14: 44-51, USA.

Khalil, M.H. and Afifi, E.A., 1994. Evaluation of performance of two-way crossing of rabbits raised in hot climates. Options Mediterreneennes, 8: 71-94, (Article), Spain

Khalil, M.H. and Afifi, E.A., 2000. Heterosis, maternal and direct additive effects for litter performance and postweaning growth in Gabali rabbits and their F_1 crosses with New Zealand White. 7th World Rabbit Congress, Volume A, pp. 431-437, 3-7 July 2000, Valencia, Spain.

Khalil, M. and Baselga M., 2002. Rabbit Genetic Resources in Mediterranean Countries. Book published by International Center for Advanced Mediterranean Agronomic Studies (CIHEAM), pp 262, Spain.

Khalil, M.H., Owen, J.B. and Afifi, E.A.A, 1986. Review of phenotypic and genetic parameters associated with meat production traits in rabbits. Animal Breeding Abstracts , 54(4): 752-749, (Article), Britain.

Khalil, M.H., Owen, J.B. and Afifi, E.A., 1987a. A genetic analysis of litter traits in Bouscat and Giza White rabbits. Animal Production, 45: 123-134, Britain.

Khalil, M.H., and Afifi, E.A. and Owen, J.B., 1987b. A genetic analysis of body weight traits in young Bouscat and Giza White rabbits. Animal Production, 45: 135-144, Britain.

Khalil, M.H. Afifi, E.A., Emara, M.E. and Owen, J.B., 1988. Genetic and phenotypic aspects of doe productivity in four breeds of rabbits. Journal of Agricultural Science, Cambridge, 110: 191-197, Britain.

Khalil, M.H., Afifi, E.A. and Salem, M.A., 1992a. Evaluation of imported and locally-born Friesian cows raised in commercial farms in Egypt. 2- Evaluation of correction factors and of some genetic effects. Egyptian Journal of Animal Production, 29(1): 43-59.

Khalil, M.H., Afifi, E.A., Bedeir, L.H. and Zeidan, S.M., 1992b. Genetic analysis of lactation traits in Egyptian buffaloes. Egyptian Journal of Animal Production, 29(2): 1-16.

Khalil, M.H., Soliman, A.M. and Khalil, Hamdia, H., 1993. Litter-size correction factors and some genetic aspects of postweaning growth in New Zealand White and Californian rabbits. Egyptian Journal of Rabbit Science, 3(2): 199-217.

Khalil, M.H., Abdel-Glil, M. and Hamed, M.K., 1994. Genetic aspects and adjustment factors for lactation traits of Friesian cattle raised in Egypt. Egyptian J. Anim. Prod., 31(1):65-84.

Khalil, M.H., Afifi, E.A., Youssef, Y.M.K. and Khadr, A.F., 1995. Heterosis, maternal and direct genetic effects for litter performance and reproductive intervals in rabbit crosses. World Rabbit Science, 3(3): 99-105, France.

Khalil, M.H., Ibrahim, M.K., and Daghady, A.S., 1998. Genetic evaluation of the fur traits in New Zealand White and Californian rabbits raised in high ambient temperature. World Rabbit Science (1998), 6(3-4): 311-318, France.

Khalil, M.H., Afifi, E.A., Salem, M.A. and Zahed, S.M., 2000. Estimation of heterotic components for lactation traits and reproductive performance in three crossbreeding trials of Holstein cattle with German Friesian raised under hot climatic conditions. Journal of Animal Breeding and Genetics 117: 129-142, Germany.

Khalil, M.H., Ibrahim, M.K., Youssef, Y.M.K. and Daghady, Amira S., 2000. Estimation of sire transmitting abilities for post-weaning growth traits in New Zealand White and Californian rabbits raised in adverse hot climatic Egyptian conditions using animal model. Egyptian Poultry Science 20(1): 65-90.

Khalil, M.H., Afifi, E.A., Farid, A., and Youssef, Y.K., 2002a. Estimation of crossbreeding effects for some litter traits in crossing of New Zealand White with Egyptian Gabali rabbits. Egyptian Journal of Rabbit Science, 12(2): 143-153.

Khalil, M. H., Al-Sobayel, k., Hermes, I. H. and Al-Homidan, A. H., 2002b. Crossbreeding effects for post-weaning growth, rectal and ears temperatures and respiration rates in crossing Saudi Gabali with Spanish V-Line rabbits. 7th World Congress Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France.

Khattab, A.S., 1992. Lifetime production and longevity of Friesian cows in relation to their sires' breeding values. J. Agric. Res., Tanta University, 18(4): 569-579.

Khattab, A.S., and Sultan, Z.A., 1990. Estimates of phenotypic and genetic parameters of first lactation performances in Friesian cattle in Egypt. Egyptian Journal of Animal Production, 27(2): 147-

Khattab, A.S., and Mourad, K.A., 1992. Estimation of genetic parameters and genetic trends for some milk traits in a herd of Egyptian buffaloes. Egyptian Journal of Animal Production, 28: 173-

Khattab, A.S., Abdel-Glil, M.F. and Salem, A.Y., 1994. Estimation of genetic parameters and sire values for lifetime production and longevity traits in Friesian cows in Egypt. J. Agric. Sci., Mansoura University, 19(2): 483-

Kinghorn, B.P., Kennedy, B.W. and Smith, C., 1993. A method for screening for genes of major effect. Genetics, 134: 351-360.

Lande, R. and Thompson, R., 1990. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. Genetics, 124: 743-756.

Lewontin, R.C. and Hubby, J.L., 1966. A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations of Drosophila pseudoobscura. Genetics, 54: 595-609.

Lush, J.L., 1935. The inheritance of productivity in farm livestock. Part V Discussion of preceding contributions. Emp. J. Exp. Agric., 3: 25.

Lush, J.L., 1948. The Genetics of Populations. Mimeograph Notes. Iowa State University, Ames, Iowa, 381 PP, USA.

Lush, J.L., 1958. Animal Breeding Plans. Iowa State University Press, USA.

Madalena, F.E., Lemos, A.M., Teodoro, R.L., Barbosa, R.T. and Monteiro, J.B.N., 1990a. Dairy production and reproduction in Holstein-Friesian and Guzera crosses. J. Dairy Sci., 73(7): 1872-1886.

Madalena, F.E., Teodoro, R.L., Lemos, A.M., Monteiro, J.B.N. and Barbosa, R.T., 1990b. Evaluation of strategies for crossbreeding of dairy cattle in Brazil. J. Dairy Sci., 73(7): 1887-1901.

Malecot, G., 1948. Les Mathematique de L>heredite. Masson et Cie. Paris.

Marshall, K., Henshall, J. and Werf, Van der J.H.J., 2002. Response from marker-assisted selection when various proportions of animals are markers typed: A multiple trait simulation study relavent to the sheep meat industry. Animal Science, 74: 223-232.

Mason, I. 1981. Breeds. Ed. CGall, London, Academic Press, 348 PP.

Mason, I. 1988. World Dictionary of Livestock Breeds, Types and Varieties. C.A.B. International, 3rd Edition, Wallingford, Oxon, UK.

Mavrogenis, A.P.A., Constantinou, A. and Louca, A., 1984. Environmental and genetic causes of variation in production traits of Damascus goats. I. Pre-weaning and post-weaning growth. Animal Breeding Abstracts, 52, 1879 (Abstract).

McAllister, A.J., Lee, A.J., Batra, T.R. and Lin, C.Y., 1994. The influence of additive and nonadditive gene action on lifetime yields and profitability of dairy cattle. J. Dairy Sci., 77(8): 2400-2414.

Mekawy, W. A. ; H. Mansour; A. I. Haider and M. R. Anous., 2000. The use of random regression in the evaluation of genetic parameters for growth traits of Egyptian Zaribi goat. Book of the abstract of the 51st annual meeting of the European association for animal production, the Hapro, the Netherlands, 21-24 August 2000.

Metry, G.H., Wilk, J.C., McDowell, R.E. and El-Rigalaty, H.A., 1994. Factors affecting the performance of Egyptian buffalo. Annals of Agric. Sci., Moshtohor, Egypt, 32: 827-

Milan, D., Bidanel, J.P., Le Roy, P., Chevalet, C., Woloszyn, N., Caritez, J.C., Gruand, J., Bonneau, M., Lafaucheur, L., Renard, C., Vaiman, M., Mormede, P., Desautes, C., Gellin, J. and Ollivier, L., 1998. Current status of QTL detection in Large White x Meishan crosses in France. 6th World Congress on quantitative Genetics Applied to Livestock Production., 26: 414-417.

Morgan, T.H., 1910. Chromosomes and heredity. American Nature, 44: 194.

Moser, G., Muller, E., Beeckmann, P., Yue, G., and Geldermann, H., 1998. Mapping QTLs in F2 generations of wild Boar, Pietran and Meishan pigs. 6th World Congress on quantitative Genetics Applied to Livestock Production, 26: 414-417.

Mostageer, A, Afifi, Y.A, Morsy, M.A. and Nigm, A.A., 1987. Grading up Baladi cattle with Friesian in Egypt. J. Anim. Breed. Genet., 104: 383-390.

Mott, R., 2000. A new method for fine-mapping quantitative trait loci in outbred animal stocks. Proceedings National Academy of Science. USA, 97: 12649-12654.

Mott, R. and Flint, J., 2002. Simultaneous detection and fine-mapping of quantitative trait loci in mice using heterogenous stocks. Genetics, 160: 1609-1618.

Mourad, K.A., 1984. Genetic improvement in a herd of Egyptian buffaloes. Ph.D. Thesis, Faculty of Agric., Moshtohor, Zagazig University, Egypt.

Mourad, K.A., and Mohamed, M.M., 1994. Genetic and phenotypic aspects of milk yield traits and productive performance of Egyptian buffaloes. Egyptian J. Animal Production, 32: 125-137.

Mourad, K.A., Mohamed, M.M. and Khattab, A.S., 1991. Genetic parameters for milk production traits in closed herd of Egyptian buffaloes. Egyptian J. Animal Production, 28: 11-20.

Mousa, E. F. A., 1989. Phenotypic and genetic variation in lambs growth. M.Sc. Thesis, Assiut University, Egypt.pp. 73.

Mrode, R. A., 1996. Linear models for the prediction of animal breeding values. CAB International, Biddles Ltd, Guildford, UK.

Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saika, R., Horn, G. and Erlich, H., 1986. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol., 51:263-273.

Neimann-Sprensen, A. and Robertson, A., 1961. The association between blood groups and several production characters in three Danish cattle breeds. Acta. Agric. Scand. 11 :163-196.

Pauling, L., Itano, H. A., Singer, S. J. and Wells, I.C., 1949. Sickle cell anemia, a molecular disease. Science, 110: 543-548.

Pedersen, J. and Christensen, L.G., 1989. Heterosis for milk production traits by crossing Red Danish, Finnish Ayrshire and Holstein Friesian cattle. Livestock Production Science, 23: 255-266.

Raune, J. and Colleau, J. J., 1996. Marker assisted selection for a sex-limited character in a nucleus breeding population. Journal of Dairy Science, 79: 1666-1678.

Robison, O.W., McDaniel, B.T. and Rincon, E.J., 1981. Estimation of direct and maternal additive and heterotic effects from crossbreeding experiments in animals. J. Anim. Sci., 52(1):44-50.

Rohrer, G.A. and Keele, J., 1998a. Identification of quantitative trait loci affecting carcass composition in swine: I- Fat decomposition traits. J. Animal Science, 76: 2247-2254.

Rohrer, G.A. and Keele, J., 1998b. Identification of quantitative trait loci affecting carcass composition in swine: II- Muscling and wholesale product yields traits. J. Animal Science, 76: 2255-2262.

Rothschild, M.F., Liu, H.C., Tuggle, C.K., Yu, T.P., and Wang, L., 1995. Analysis of pig performance 7 genetic markers for growth and carcass performance traits. J. Animal Breeding and Genetics, 112:341-348.

Sabra, Z.A., Khalil, M.H.,. Hanafi, M., and Gad, H.A., 2001. Estimation of sire and paternal grand dams breeding values for growth traits in New Zealand White and Californian rabbits using animal model. Egyptian Journal of Rabbit Science, 11(1): 103-114.

Sadek, M.H. and Ashmawy, A.A., 1993. Expected genetic improvement of milk yield of Egyptian buffaloes. Proceedings of the International Symposium on Prospects of buffalo Production in the Mediterranean and Middle East. Cairo, Egypt, 9-12 November 1992, 62: 117.

Sadek, R.R., 1984. Studies on genetic and environmental factors affecting the milk production of the Egyptian buffaloes. Ph.D. Thesis, Faculty of Agriculture, Cairo University, Egypt.

Sadek, R.R., Helali, E.A., Safwat, M.A., Ibrahim, M.A.M. and Abd El-Fatah, A., 1994. Evaluation of Friesian cattle performance in commercial farms in Egypt. Egyptian J. Anim. Prod., 31(1): 43-64.

Sadek, R.R., Mohamed Mahasin, M.,, Ibrahim, M.A.M. and Abd El-Lattef, Hoda, M.A., 1998. Estimation of lactation curve parameters in Egyptian buffaloes. Egyptian J. Anim. Prod., 35 (1): 1-.

Salem, M.A., 1998. Evaluation of milk production traits for cows of commercial dairy herds in Egypt. Ph.D. Thesis, Faculty of Agric., Moshtohor, Zagazig Univ., Egypt.

Searle, S.R., 1961. Variance components in the unbalanced 2-way nested classification. Ann. Math. Stat., 32: 1161-1166.

Shaat, I. M., 1996. Selection indices to improve productive traits in local sheep. M.Sc. Thesis, Ain Shams University, Egypt.

Shaat, I. M., 2002. Estimation of genetic trends on some sheep flocks. Ph.D. Thesis, Ain Shams University, Egypt.

Sharaby, M.A. and El-Kimary, I.S., 1982. Genetic control and sire evaluation for age at first calving in Egyptian buffaloes. Alex. J. Agric. Res., 30: 85.

Sheridan, A.K., 1981. Crossbreeding and heterosis. A.B.A., 49(3): 131-144.

Smithies, O., 1959. An improved procedure for starch gel electrophoresis. Biochemical Journal, 71: 585-591.

Snedecor, G.W. and Cochran, W.G., 1985. Statistical Methods. Iowa State University Press, Ames, Iowa, USA.

Soller, M. and Genizi, A., 1978. The efficiency of experimental designs for the detection of linkage between a marker locus and a locus affecting a quntitative trait in segregating populations. Biometrics, 34: 47-55.

Southern, E.M., 1975. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. Journal of Molecular Biology, 98:503-517.

Sultan, Z.A. and Khattab, A.S., 1989. Genetic and phenotypic parameters of lifetime production traits in Friesian cattle in Egypt. Annals of Agric. Sci., Moshtohor, Egypt, 27(1) : 273-

Swiger, L. A., Harvey, W. R., Everson, D. O., and Gregory, K. E., 1964. The variance of intra-class correlation involving groups with one observation. Biometrics 20: 818-826.

Tassell, C.P. Van, Ashwell, M.S., Sonstegard, T.S., 2000. Detection of putative loci affecting milk, health, and conformation traits in a US Holstein population using 105 microsatellite markers. Journal of Dairy Science, 83: 1865-1872.

Thorpe, W., Kangethe, P., Rege. J.E.O., Mosi, R.O., Mwandotto, B.A.J. and Njuguna, P., 1993. Crossbreeding Ayrshire, Friesian and Sahiwal cattle for milk yield and preweaning traits of progeny in the Semiarid Tropics of Kenya. J. Dairy Sci., 76(7): 7001-2012.

Thorpe, W., Morris,C.A.and kang>ethe, P., 1994. Crossbreeding of Ayrshire, Brown Swiss and Sahiwal cattle for animal and lifetime milk yield in the Lowland Tropics of Kenya. J. Dairy Sci., 77(8): 2415-2427.

Touchberry. 1992. Crossbreeding effects in dairy cattle: The Illinois experiment, 1949 to 1969. J. Dairy Sci., 75(7): 640-667.

Vandepitte, W.M. and Hazel, L.N. 1977. The effect of errors in the economic weights on the accuracy of selection indexes. Annales Genet. Selection Anim., 9(1): 87-103.

Van Vleck, L.D., 1993. Selection index and introduction to mixed model methods for genetic improvement of animals. CRC Press, Inc.USA.

Vincent, A., Short, T.H., Eckardt, G.R., McLaren, D., Southwood, O., Plastow, G.S., Tuggle, C.K. and Rothschild, M.F., 1998. The prolactin gene receptor is associated with increased litter size in pigs. 6^{th} World Congress on quantitative Genetics Applied to Livestock Production., 27: 15-18.

Visscher, P.M. Haley, C.S. and Thompson, R., 1995. Introgression of gene in backcross programmes using genetic markers and phenotypes. Genetics, 145: 509.

Walling, G.A., Archibald, A.L., Visscher, P.M., and Haley, C.S., 1998. Mapping of quantitative trait loci on chromosome 4 in a Large White x Meishan pig F2 population. 6th World Congress on quantitative Genetics Applied to Livestock Production., 25: 519-522.

Walling, G.A., Visscher, P.M., Simm, G. and Bishop, S.C., 2001. Confirmed linkage for QTLs affecting muscling in sheep on chromosomes 2 and 18. 52nd Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Budapest, Hungary.

Walling, G.A., Haley, C.S., Perez-Enciso, M., Thompson, R. and Visscher, P.M., 2002. On the mapping of quantitative trait loci at marker and non-marker locations. Genetic Research, 79: 97-106.

Weller, J.I. 2001. Quantitative Trait Loci Analysis in Animals. CABI Publishing, CAB International, UK.

Wright, Sewall, 1921. Coefficients of inbreeding and relationship. Amer. Nat., 56: 330-338.

Wright, Sewall, 1934. The method of path coefficients. Annals of Mathematical Statistics, 5: 161.

Wright, Sewall, 1969. Evaluation and the Genetics of Populations, Vol. 2, The theory of gene frequency. University of Chicago, Chicago, Il, USA.

Yu, T.P., Tuggle, C.K., Schmitz, C.B. and Rothschild, M.F., 1995. Association of PITI polymorphisms with growth and carcass traits in pigs. J. Animal Science, 73:1282-1288.

Zarnecki, A., Norman, H.D., Gierdzicewiez, M. and Jamrozik, J., 1993. Heterosis for growth and yield traits from crosses of Friesian strains. J. Dairy Sci., 76(6): 1661-1670.

Zhang, W. and Smith, C., 1992. The use of marker assisted selection with linkage disequilibrium. Theoretical and Applied Genetics, 83: 813-820.

Zhuchenko, A. A., Korol, A.B. and Andryushchenko, V.K., 1979. Linkage between loci for quantitative characters and marker loci. I. Model. Genetika 13: 671-678.

ثبت المصطلحات

أولا : عربي – إنجليزي



أب مشترك	Common father
أب وابنته أو أم وابنها	Parent-Progeny
أباء غير مرباة داخليا	Non-inbred parents
أباء غير مرتبطة	Unrelated parents
أباء مرباة داخليا	Inbred parents
ابن	Son
أفراد غير مرباة داخليا	Non-inbreds
أفعال الجين	Gene actions
أقصي مقدرة إنتاجية محتملة	Most probable producing ability
أليلات متطابقة	Identical alleles
أم مشتركة	Common mother
أمهات ذات قرابة	Related dams
أنتجينات مجاميع الدم	Blood group antigens

إنزيمات قطع الحمض النووي DNA عند مناطق محددة	Restriction Enzymes
أنصاف الأشقاء (أخ أو أخت غير شقيقة)	Half sibs
أنصاف الأشقاء الأبوية	Paternal half-sibs
أنصاف الأشقاء الأمية	Maternal half-sibs
أولاد العمومة أو أولاد الخال عن طريق سلفين (جدين) مشتركين	Second cousins (cousins with two grand-parents in common)
أولاد العمومة أو أولاد الخال من الدرجة الأولى (عن طريق أب واحد مشترك)	First cousins (cousins with one grand-parent in common)
أولاد العمومة أو أولاد الخال من الدرجة الثانية (عن طريق أبوين مشتركين)	Double-first cousins (Cousins with two grand-parents in common)
ابن العم أو الخال وابنة العمة أو الخالة الشقيقة	Full-sib cousins
ابن العم أو الخال وابنة العمة أو الخالة غير الشقيقة	Half-sib cousins
الآباء	Parents
الآباء الذكور (الطلائق)	Sires
الآباء المتزاوجة	Parental mating
الآباء المشتركة	Common parents
الأثر الخطي للتأثير التجمعي	Linear effect
الأثر الغير خطيا للتأثير السيادي	Quadratic effect
الأثر المتعدد للجين	Pleotropic effect of gene
الأحماض النووية	Nucleic acids
الأخوة الأشقاء (أخ أو أخت شقيقة)	Full-sibs

الأسلاف المشتركة	Common ancestors
الإسهام الوراثي أو التكرار الزيجوتي	Genetic contribution
الأشكال المتعددة للواسمات	Polymorphism
الأفراد الخليطة	Heterozygotes
الأفراد السائدة	Dominants
الأفراد المتنحية	Recessives
الأفراد المهاجرة	Immigrants
الأليل الأبوي	Paternal allele
الأليل الأمي	Maternal allele
الأليل الواسمة	Marker allele
الأليلات الجسمية المتعددة	Multiple somatic alleles
الأليلات المتعددة	Multiple alleles
الأمهات	Dams
الاحتمالات الوراثية	Genotypic probabilities
الارتباط الدائم أو الحقيقي	Permanent correlation
الارتباط الوراثي الدائم بين الصفات	Permanent genetic correlation
الارتباط الوراثي المؤقت بين الصفات	Temporary genetic correlation
الارتباط بين الجينات	Linkage
الاستجابة الانتخابية	Selection response
الاستنساخ الوراثي أو الاستنساخ الجينى	Gene cloning
الافتراضات على النموذج الإحصائي	Assumptions of model
الانتخاب	Selection
الانتخاب التام	Complete selection
الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة	Selection against heterozygotes
الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة	Selection favours heterozygotes

الانحرافات عن نقطة الوسط	Deviations from mid-point
العائلات الأبوية	Sire families
المجموعات الأبوية	Sire groups
انحرافات السيادة	Dominance deviations

ب

برامج كمبيوتر تستخدم لاكتشاف وتحديد مواقع الصفات الكمية المجهولة QTLs المؤثرة على الصفات الاقتصادية في الحيوانات	Findgene
بسط معامل القرابة	Numerator relationship
البصمة الوراثية	Genetic Fingerprint
بنت	Daughter
البيئة الخاصة أو البيئة المؤقتة التي يتعرض لها الحيوان وتزول بزوال السبب	Special environment
البيئة الدائمة التي تلازم الحيوان طوال حياته	Permanent environment
البيئة العامة أو البيئة الدائمة التي تلازم الحيوان طوال حياته	General environment
البيئة المؤقتة التي يتعرض لها الحيوان	Temporary environment
بين الأمهات	Between dams
بين الأمهات داخل الطلائق	Between dams within sires
بين الحملان داخل الكباش (الخطأ أو المتبقي)	Between lambs within rams (Error or remainder)
بين الحيوانات (بين الأفراد)	Between animals
بين الطلائق	Between sires
بين القياسات داخل الحيوانات	Between measurements within animals

بين الكباش	Between rams
بين النسل داخل الأمهات	Between progeny within dams
بين النسل داخل الطلائق	Between progeny within sires



التأثير التراكمي للجين	Comulative effect of gene
التأثير التجمعي أو المضيف للجين	Additive effect of gene
التأثير التفوقي للجين	Epistatic effect
التأثير السيادي للجين	Dominance effect
التأثيرات الأمية	Maternal effects
التأثيرات التجمعية للجينات	Additive genetic effects
التأثيرات المتعددة للجين	Pleiotropic effects
التأثيرات غير الوراثية المرتبطة ببيئة الأم الداخلية والخارجية	Non-genetic maternal effects
التباين البيئي	Environmental variance
التباين البيئي الدائم	Permanent environmental variance
التباين البيئي المؤقت	Temporary environmental variance
التباين التجمعي (التباين المضيف)	Additive variance
التباين التفوقي	Epistatic variance
تباين الخطأ التجريبي (أو المتبقي)	Error variance (remainder)
التباين الراجع للانحدار	Due to regression variance
التباين السيادي	Dominance variance
التباين المظهري	Phenotypic variation
التباين الوراثي	Genetic variance

التباين الوراثي غير التجمعي	Non-additive variance
التباين الوراثي الكلي	Total genetic variance
تثبيت الجينات عند استمرار الانتخاب لتحسين صفتين	Fixation of genes
تجارب الانتخاب	Selection experiments
التجمعات الجينية المرغوب فيها	Desired gene combinations
تحليل التباين أحادى الاتجاه	One-way ANOVA
تحليل التغاير بين صفتين	Analysis of covariance
تحليل الجينوم	Genome analysis
تداخل أو تفاعل الجينات	Gene interaction
التداخل بين التركيب الوراثي والبيئة	Genotype–environment interaction
التدهور الناتج من إتباع التربية الداخلية	Inbreeding depression
ترابط أو مزاملة الجينات	Linkage of genes
التراكيب الوراثية المتوقعة	Expected genotypes
التراكيب الوراثية الملاحظة	Observed genotypes
تراكيب وراثية مرتبطة بصلة نسب (القرابة السيادية)	Genotypes identical by descent
التربية الداخلية (أو تربية الأقارب)	Inbreeding
التربية الداخلية الشديدة	Intensive inbreeding
التركيب الوراثي	Genotype
التركيب الوراثي السائد	Dominant genotype
التركيب الوراثي المتنحي	Recessive genotype
تزاوج الأب بابنته	Sire-daughter mating
تزاوج الأخوة أنصاف الأشقاء	Half-sib mating
تزاوج الأخوة الأشقاء	Full-sib mating

التزاوج العشوائي	Random mating
التزاوج بين الآباء التي يوجد بينها قرابة	Mating related parents
التزاوج بين الأسلاف التي يوجد بينها قرابة	Mating related relatives
تزاوج رجعي	Mated-back
تزاوجات أبوية	Sire matings
تسلسل القواعد الآزوتية في جزئ الحمض النووي	DNA sequencing
التشابه الوراثي	Genetic likeness
تصميم أحادى الاتجاه	One-way layout
تصميم ثنائي الاتجاه (التصميم المتشعب أو الكنائسي)	Nested design
تصميم ذو عامل واحد	One-way layout
تصميم غير متزن	Unbalanced design
تصميم متزن	Balanced design
تضاد الجنيات في تأثيرها على صفتين	Antagonistic effect
تعبير الجين	Gene expression
التغاير الوراثي (أي التباين المشترك) بين الصفات	Genetic covariance
التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء	Half-sibs covariance
التغاير الوراثي بين الآباء والأبناء	Parent-offspring covariance
التغاير الوراثي بين الأخوة الأشقاء	Full-sibs covariance
التغاير الوراثي بين الأقارب	Genetic covariance between relatives
التغاير بين المجاميع المتطابقة وراثيا	Covariance between isogenic lines
التغايرات البيئية	Environmental covariances
التغايرات الوراثية	Genetic covariances

التغير المصاحب للانتخاب	Correlated response
التغير الوراثي المصاحب للانتخاب	Genetic correlated response
تفاعل أليلي بين الجينات في الموقع الواحد	Intra-allelic interaction
تفاعل أليلي للجينات بين المواقع المختلفة	Inter-allelic interaction
تقارن الجينات أو تعاون الجينات في تأثيرها على صفتين	Synergistic effect
التقنيات الحيوية	Bio-technologies
تقنية إنزيمة لوضع خرائط الواسمات الوراثية	Isozymes
تقنية الأشكال المتعددة للنكليوتيدات الفردية وتمثل نيكلوتيدة فردية تحتوي على أليلين فقط	Single nucleotide polymorphism (SNPs)
تقنية التتابعات المتعددة وهي رفليبات متباينة في أطوالها وتسمى المينيستليت	Minisatellites
تقنية التتابعات النيوكليوتيدية الصغرى تستخدم كواسمات لتحديد مواقع الجينات وعمل الخرائط الكروموسومية وتسمى الميكروساتلايت	Microsatelitte
تقنية المكررات المتسلسلة البسيطة تستخدم كواسمات وراثية	Simple tandem repeats (STR)
تقنية المكررات المتسلسلة القصيرة تستخدم كواسمات	Short tandem repeats (STR)
تقنية المكررات المتسلسلة المتباينة العدد تستخدم كواسمات	Variable numbers of tandem repeats (VNTRS(

تقنية تحليل الحمض النووي أو طريقة البصمة أو التعليم	Marking
تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل لإنتاج تتابعات معينة لقواعد الحمض النووي	Polymerase chain reaction (PCR)
تقنية شظايا التحديد متعددة الأشكال والأطوال لعمل خرائط للتركيب الوراثي وللحمض النووي	Restriction fragment length polymorphism (RFLP)
تقنية نسخ عدد كبير من تتابعات معينة من الحمض النووي	DNA Sequencing
تكرار (أو توزيع) التراكيب الوراثية	Genotypic frequency
التكرار (التوزيع) الجاميطى	Gametic frequency
التكرار (التوزيع) الزيجـوتى	Zygotic frequency
التكرار (التوزيع) الوراثي	Genetic frequency
تكرار التراكيب الوراثية الأولية	Initial genotypic frequency
تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة	Expected genotypic frequency
تكرار التراكيب الوراثية المشاهدة	Observed genotypic frequency
تكرار التزاوج	Mating frequency
التكرار الجينى الأولي	Initial gene frequency
تكرارات النسل الناتج	Offspring frequencies
التلازم البيئي (الارتباط البيئي) بين الصفات	Environmental correlation
التلازم المظهري (الارتباط المظهري) بين الصفات	Phenotypic correlation
التلازم الوراثي (الارتباط الوراثي) بين الصفات	Genetic correlation

تماثل الشكل	Homologous
التنوع الأليلي بين السلالات	Allelic diversity
توائم ثنائية الزيجوت (توائم غير متطابقة أو الإخوة الأشقاء)	Dizygotic twins (Full-sibs)
توائم صنوية (توائم متطابقة)	Identical twins
توائم غير صنوية (توائم غير متطابقة)	Fraternal twins
توائم وحيدة الزيجوت (توائم متطابقة)	Monozygotic twins

ج

الجاميطات	Gametes
الجد	Grandparent
جدول تحليل التباين	ANOVA table
الجنس	Genus
الجنس غير متماثل الكروموسومات الجنسية	Hetero-gametic sex
الجنس متماثل الكروموسومات الجنسية	Homogametic sex
الجنوح العشوائي	Random drift
جينات متعددة الأثر	Pleiotropic genes
الجين الذي يزيد من عضلات الظهر	Muscling gene
الجين السائد المرتبط بالجنس	Dominant sex-linked gene
الجين المتنحى المرتبط بالجنس	Recessive sex-linked gene
الجين المسئول عن تثبيط صبغة الكروموجين لتلوين الريش	Inhibitor gene
الجينات (أو المادة الوراثية)	Genes (or genetic material)
الجينات الجسمية (الأتوسومية)	Somatic (autosomal) genes

الجينات المرتبطة	Linked genes
الجينات المرتبطة بالجنس	Sex-linked genes
الجينات المميتة	Lethal genes
الجينات شبه المميتة	Semi-lethal genes
جينات مرتبطة بصلة نسب	Genes identical by descent



حجم العينة	Sample size
حزم وراثية تستخدم كواسمات ناتجة من تضخيم الـ DNA	Genetic Bands
الحفيد	Grandchild
الحمض النووي DNA الموجود في النواة	Deoxyribonucleic acid
الحمض النووي RNA الموجود في السيتوبلازم	Ribonucleic acid

خ

الخانات غير القطرية بمربع التغاير الوراثي	Off-diagonal cells
الخانات القطرية بمربع التغاير الوراثي	Diagonal cells
خريطة الجينات	Gene mapping
خط الاعتماد أو الانحدار	Regression line
الخطأ القياسي	Standard error
الخلايا الجسمية	Somatic cells

د

درجة السيادة	Degree of dominance

ر

رابطة مزدوجة في القاعدة الآزوتية Pyrimidine في جزئ الحمض النووي DNA	Adenine- Guanine
رابطة مزدوجة في القاعدة الآزوتية Purines في جزئ الحمض النووي DNA	Cytosine- Thymine

ز

زيادة العضلات أو ازدواج العضلات	Muscular Hypertrophy

س

سجل النسب	Pedigree
السلالة	Breed
سلسلة جينية حلزونية	Nucleotide
السيادة التامة (الكاملة) لأثر الجين	Complete dominance
السيادة الجزئية لأثر الجين	Partial dominance
السيادة الفائقة لأثر الجين	Over-dominance
السيادة غير التامة (الناقصة) لأثر الجين	Incomplete dominance

ش

شدة الانتخاب	Selection intensity



صبغة الكروموجين المسئولة عن تلوين الريش	Chromogen
الصدفة	Chance
الصفات التي يحكمها العديد من الجينات	Polygenic characters
صفات الجنس الأساسية	Primary sex characteristics
الصفات الكمية	Quantitative characters
الصفات الوصفية	Qualitative characters
صفه القزمية في الفئران	Pypmy

ض

الضأن	Mutton
الضغط الطفري	Mutation pressure

ط

طرز من الحيوانات	Lines
طريقة التفريد الكهربائي لفصل البروتين في محاليل	Electrophoresis
طريقة التفريد الكهربائي للترانسفيرين	Transferrin electrophoresis
الطفرات	Mutations
الطفرات الضارة أو المميتة	Lethal mutations
الطفرات شبة المميتة	Semi-lethal mutations

طفرة الأغنام ذات الأرجل القصيرة	Ancon
الطفرة المتنحية	Recessive mutation
طفرة تحدث داخل الجين	Intra-genic mutation
طفرة غير متكررة (طفرة نادرة الحدوث)	Non-recurrent mutation
طفرة لها علاقة بصلاحية النوع	Mutation-type fitness relationship
طفرة متكررة	Recurrent mutation

ظ

ظاهرة عري الجسم في الدجاج	Nakedness in poultry

ع

العبور أو انتقال الجينات من أحد زوجي الكروموسوم إلى الآخر أثناء الانقسام الاختزالي	Crossing-over
عدد أزواج الكروموسومات التي توجد في الخلايا الجسمية	Chromosomal complement
عدد الأفراد المتوقعة	Expected number
عدد الأفراد المشاهدة	Observed number
عدم مزاملة الجينات في تأثيرها على صفتين (الجينات المستقلة)	Non-linked genes
عدم وجود القرون	Hornless
العشائر البسيطة التي تتكون من أفراد تتزاوج جنسيا وخلطيا	Mendelian population
العشيرة الأصلية (أو الجيل الأساسي للعشيرة)	Base population

العشيرة الحيوانية	Animal population
العشيرة المتزنة	Population in equilibrium
علاقة العم أو الخال وأبن الأخ أو أبن الأخت	Aunt-niece relationship
علاقة العمة أو الخالة وأبنه الأخ أو أبنه الأخت	Aunt-niece relationship
علاقة خطية	Linear relationship
عملية انعزال الجاميطات	Segregation
عوامل مشتتة	Dispersed factors
عوامل منتظمة	Systematic factors

غ

غير متحيز	Un-biased

ق

قاعدة آزوتية موجودة بجزئ الحمض النووي DNA	Purine
قانون هاردي وينبيرج للاتزان بالعشيرة	Hardy -Weinberg Rule
القرابة	Relationship
القرابة التجمعية بين الأفراد في العشيرة	Additive relationship
القرابة الجانبية بين الأفراد في العشيرة	Collateral relatives relationship
القرابة السيادية بين الأفراد في العشيرة	Dominance relationship
القرابة غير المباشرة	Indirect relationship
القرابة المباشرة	Direct relationship
القرابة بين الأب والنسل	Parent-progeny relationship

القرابة بين الإخوة أنصاف الأشقاء	Half-sib relationship
القرابة بين الإخوة الأشقاء	Full-sib relationship
القطعان المغلقة	Closed populations
القطيع	Herd
قطيع ذو خمسة طلائق	Five-sire herd
قطيع ذو طلوقة واحدة	One-sire herd
قوة التوريث (طبع القطيع بطابع معين)	Propotency
القيمة التربوية	Breeding value
القيمة المظهرية للفرد	Phenotypic value
القيمة الوراثية	Genotypic value
القيمة الوراثية التجمعية	Additive genetic value

ك

الكباش	Rams
الكروموسوم المتماثل في الثدييات	X-Chromosome
الكروموسوم المتماثل في الطيور	Z-Chromosome
الكروموسوم غير المتماثل في الثدييات	Y-chromosome
الكروموسوم غير المتماثل في الطيور	W-Chromosome
الكروموسومات الجسمية (الأتوسومية)	Somatic (autosomal) chromosomes
كروموسومات الجنس	Sex chromosomes
الكروموسومات الزوجية في الخلايا الجسمية	Bivalent chromosomes
الكروموسومات الفردية بالخلايا التناسلية	Univalent chromosomes
كفاءة الانتخاب	Effectiveness of selection

الكفاءة الانتخابية	Selection efficiency

ل

اللحم المرمري	Marbling meat

م

متوسط أثر إبدال الجين	Average effect of gene substitution
متوسط أثر الجين	Average gene effect
متوسط الأبوين	Mid-parents
متوسط العشيرة	Population mean
متوسط المربعات	Mean squares
متوسط المربعات المتوقعة	Expected mean squares
متوسط حاصل ضرب صفتين	Mean cross-product
متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب (معامل الأبوة)	Average fraction of genes identical by descent
متوسطات حاصل الضرب المتوقعة بين صفتين	Expected mean cross- product
مجاميع الأمهات	Dam groups
مجموع المربعات	Sum of squares
مجموع المربعات الكلى	Total sum of squares
مجموع حاصل ضرب صفتين	Sum cross-product
مرض استسقاء الرأس في الماشية والأغنام	Hydrocephalus in cattle and sheep
مرض الاستسقاء في العجول	Bulldog calves
مرض فتحة الشرج الناقصة في الأغنام	Imperforate anus in sheep

مسار التشابه في القرابة بين فردين	Path
مصدر التباين	Source of variance
معامل الأبوة	Coefficient de parente
معامل الارتباط البسيط	Correlation coefficient
معامل الارتباط داخل الأمهات	Dam intraclass correlation
معامل الارتباط داخل الطلائق	Sire interaction correlation
معامل الارتباط داخل المجموعات	Intraclass correlation
معامل الترابط السلفي	Co-ancestry coefficient
معامل التربية الداخلية	Inbreeding coefficient
معامل التصحيح	Correction term
المعامل التكراري	Repeatability
معامل القرابة	Relationship coefficient
معاملات العبور	Path coefficients
معاملات النسب	Coefficients for relatives
معدل الطفور	Mutation rate
المقدرة الإنتاجية الحقيقية	Real producing ability
المكافئ الوراثي	Heritability
المكافئ الوراثي المتوقع	Expected heritability
المكافئ الوراثي المحقق	Realized heritability
المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق أو المحدود	Heritability in narrow sense
المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع أو العريض	Heritability in broad sense
مكونات التباين	Variance components
مكونات التغاير	Covariance components
المواقع الأليلية الخليطة	Heterozygous alleles
المواقع الأليلية المتماثلة	Homozygous alleles

المواقع الجينية للصفات الكمية	Quantitative Traits Loci (QTL)
الموقع الجيني على الكروموسوم	Locus
ميزة انتخابية	Selective advantage

ن

نسبة الخليط	Heterozygosity
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي	Fitness
النسل أو النتاج	Progeny
النسل الأشقاء	Full-sib progeny
النسل الناتج	Offspring
النسل داخل الأمهات داخل الطلائق	Progeny within dams within sires
نظام التزاوج	System of mating
نقل الجينات	Gene transfer
النقل النووي	Nuclear transfer
النموذج الأبوي	Sire model
النموذج الأبوي-الأمي	Sire-dam model
النموذج الإحصائي	Statistical model
النموذج الأمي	Dam model
نموذج الحيوان الوراثي	Animal model
النموذج الوراثي	Genetic model
النوع من الحيوانات	Species

هـ

الهجرة	Migration
الهندسة الوراثية	Genetic engineering

و

الواسمات الجينية	Gene markers
واسمات الحمض النووي	DNA Markers
الواسمات الوراثية أو الكاشفات	Genetic markers
وراثة العشائر	Population Genetics
الوراثة المتأثرة بالجنس	Sex-influenced inheritance
الوراثة المحددة بالجنس	Sex-limited inheritance
الوراثة المرتبطة بالجنس	Sex-linked inheritance
وصول العشيرة إلى التماثل التام	Complete homozygosity

ثانياً : إنجليزي – عربي

A

Additive effect of gene	التأثير التجمعي أو المضيف للجين
Additive genetic effects	التأثيرات التجمعية للجينات
Additive genetic value	القيمة الوراثية التجمعية
Additive relationship	القرابة التجمعية بين الأفراد في العشيرة
Additive variance	التباين التجمعي (التباين المضيف)
Adenine- Guanine	رابطة مزدوجة في القاعدة الآزوتية Pyrimidine في جزئ الحمض النووي DNA
Allelic diversity	التنوع الأليلي بين السلالات
Analysis of covariance	تحليل التغاير بين صفتين
Ancon	طفرة الأغنام ذات الأرجل القصيرة
Animal model	نموذج الحيوان الوراثي
Animal population	العشيرة الحيوانية
ANOVA table	جدول تحليل التباين
Antagonistic effect	تضاد الجنيات في تأثيرها على صفتين
Assumptions of model	الافتراضات على النموذج الإحصائي

Aunt-niece relationship	علاقة العم أو الخال وابن الأخ أو ابن الأخت
Aunt-niece relationship	علاقة العمة أو الخالة وابنه الأخ أو ابنه الأخت
Average effect of gene substitution	متوسط أثر إبدال الجين
Average fraction of genes identical by descent	متوسط نسبة الجينات المرتبطة بصلة نسب (معامل الأبوة)
Average gene effect	متوسط أثر الجين

B

Balanced design	تصميم متزن
Base population	العشيرة الأصلية (أو الجيل الأساسي للعشيرة)
Between animals	بين الحيوانات (بين الأفراد)
Between dams	بين الأمهات
Between dams within sires	بين الأمهات داخل الطلائق
Between lambs within rams (Error or remainder)	بين الحملان داخل الكباش (الخطأ أو المتبقي)
Between measurements within animals	بين القياسات داخل الحيوانات
Between progeny within dams	بين النسل داخل الأمهات
Between progeny within sires	بين النسل داخل الطلائق
Between rams	بين الكباش
Between sires	بين الطلائق
Bio-technologies	التقنيات الحيوية
Bivalent chromosomes	الكروموسومات الزوجية في الخلايا الجسمية

Blood group antigens	أنتجينات مجاميع الدم
Breed	السلالة
Breeding value	القيمة التربوية
Bulldog calves	مرض الاستسقاء في العجول

C

Chance	الصدفة
Chromogen	صبغة الكروموجين المسئولة عن تلوين الريش
Chromosomal complement	عدد أزواج الكروموسومات التي توجد في الخلايا الجسمية
Closed populations	القطعان المغلقة
Co-ancestry coefficient	معامل الترابط السلفي
Coefficient de parente	معامل الأبوة
Coefficients for relatives	معاملات النسب
Collateral relatives relationship	القرابة الجانبية بين الأفراد في العشيرة
Common ancestors	الأسلاف المشتركة
Common father	أب مشترك
Common mother	أم مشتركة
Common parents	الآباء المشتركة
Complete dominance	السيادة التامة (الكاملة) لأثر الجين
Complete homozygosity	وصول العشيرة إلى التماثل التام
Complete selection	الانتخاب التام
Comulative effect of gene	التأثير التراكمي للجين
Correction term	معامل التصحيح

التغير المصاحب للانتخاب	Correlated response
معامل الارتباط البسيط	Correlation coefficient
التغاير بين المجاميع المتطابقة وراثيا	Covariance between isogenic lines
مكونات التغاير	Covariance components
العبور أو انتقال الجينات من أحد زوجي الكروموسوم إلى الآخر أثناء الانقسام الاختزالي	Crossing-over
رابطة مزدوجة في القاعدة الآزوتية Purines في جزئ الحمض النووي DNA	Cytosine- Thymine

D

مجاميع الأمهات	Dam groups
معامل الارتباط داخل الأمهات	Dam intraclass correlation
النموذج الأمي	Dam model
الأمهات	Dams
بنت	Daughter
درجة السيادة	Degree of dominance
الحمض النووي DNA الموجود في النواة	Deoxyribonucleic acid
التجمعات الجينية المرغوب فيها	Desired gene combinations
الانحرافات عن نقطة الوسط	Deviations from mid-point
الخانات القطرية بمربع التغاير الوراثي	Diagonal cells
القرابة المباشرة	Direct relationship
عوامل مشتتة	Dispersed factors
توائم ثنائية الزيجوت (توائم غير متطابقة أو الإخوة الأشقاء)	Dizygotic twins (Full-sibs)

واسمات الحمض النووي	DNA Markers
تسلسل القواعد الآزوتية في جزئ الحمض النووي	DNA sequencing
تقنية نسخ عدد كبير من تتابعات معينة من الحمض النووي	DNA Sequencing
انحرافات السيادة	Dominance deviations
التأثير السيادي للجين	Dominance effect
القرابة السيادية بين الأفراد في العشيرة	Dominance relationship
التباين السيادي	Dominance variance
التركيب الوراثي السائد	Dominant genotype
الجين السائد المرتبط بالجنس	Dominant sex-linked gene
الأفراد السائدة	Dominants
أولاد العمومة أو أولاد الخال من الدرجة الثانية (عن طريق أبوين مشتركين)	Double-first cousins (Cousins with two grand-parents in common)
التباين الراجع للانحدار	Due to regression variance

E

كفاءة الانتخاب	Effectiveness of selection
طريقة التفريد الكهربائي لفصل البروتين في محاليل	Electrophoresis
التلازم البيئي (الارتباط البيئي) بين الصفات	Environmental correlation
التغايرات البيئية	Environmental covariances
التباين البيئي	Environmental variance
التأثير التفوقي للجين	Epistatic effect

التباين التفوقى	Epistatic variance
تباين الخطأ التجريبي (أو المتبقي)	Error variance (remainder)
التراكيب الوراثية المتوقعة	Expected genotypes
تكرار التراكيب الوراثية المتوقعة	Expected genotypic frequency
المكافئ الوراثي المتوقع	Expected heritability
متوسطات حاصل الضرب المتوقعة بين صفتين	Expected mean cross- product
متوسط المربعات المتوقعة	Expected mean squares
عدد الأفراد المتوقعة	Expected number

F

برامج كمبيوتر تستخدم لاكتشاف وتحديد مواقع الصفات الكمية المجهولة QTLs المؤثرة على الصفات الاقتصادية في الحيوانات	Findgene
أولاد العمومة أو أولاد الخال من الدرجة الأولى (عن طريق أب واحد مشترك)	First cousins (cousins with one grand-parent in common)
نسبة ما تساهم به التراكيب الوراثية للآباء في نسل الجيل التالي	Fitness
قطيع ذو خمسة طلائق	Five-sire herd
تثبيت الجينات عند استمرار الانتخاب لتحسين صفتين	Fixation of genes
توائم غير صنوية (توائم غير متطابقة)	Fraternal twins
ابن العم أو الخال وابنة العمة أو الخالة الشقيقة	Full-sib cousins

Full-sib mating	تزاوج الأخوة الأشقاء
Full-sib progeny	النسل الأشقاء
Full-sib relationship	القرابة بين الإخوة الأشقاء
Full-sibs	الأخوة الأشقاء (أخ أو أخت شقيقة)
Full-sibs covariance	التغاير الوراثي بين الأخوة الأشقاء

G

Gametes	الجاميطات
Gametic frequency	التكرار (التوزيع) الجاميطى
Gene actions	أفعال الجين
Gene cloning	الاستنساخ الوراثي أو الاستنساخ الجينى
Gene expression	تعبير الجين
Gene interaction	تداخل أو تفاعل الجينات
Gene mapping	خريطة الجينات
Gene markers	الواسمات الجينية
Gene transfer	نقل الجينات
General environment	البيئة العامة أو البيئة الدائمة التي تلازم الحيوان طوال حياته
Genes (or genetic material)	الجينات (أو المادة الوراثية)
Genes identical by descent	جينات مرتبطة بصلة نسب
Genetic Bands	حزم وراثية تستخدم كواسمات ناتجة من تضخيم الـ DNA
Genetic contribution	الإسهام الوراثي أو التكرار الزيجوتي
Genetic correlated response	التغير الوراثي المصاحب للانتخاب

التلازم الوراثي (الارتباط الوراثي) بين الصفات	Genetic correlation
التغاير الوراثي (أي التباين المشترك) بين الصفات	Genetic covariance
التغاير الوراثي بين الأقارب	Genetic covariance between relatives
التغايرات الوراثية	Genetic covariances
الهندسة الوراثية	Genetic engineering
البصمة الوراثية	Genetic Fingerprint
التكرار (التوزيع) الوراثي	Genetic frequency
التشابه الوراثي	Genetic likeness
الواسمات الوراثية أو الكاشفات	Genetic markers
النموذج الوراثي	Genetic model
التباين الوراثي	Genetic variance
تحليل الجينوم	Genome analysis
التركيب الوراثي	Genotype
التداخل بين التركيب الوراثي والبيئة	Genotype–environment interaction
تراكيب وراثية مرتبطة بصلة نسب (القرابة السيادية)	Genotypes identical by descent
تكرار (أو توزيع) التراكيب الوراثية	Genotypic frequency
الاحتمالات الوراثية	Genotypic probabilities
القيمة الوراثية	Genotypic value
الجنس	Genus
الحفيد	Grandchild
الجد	Grandparent

H

Half sibs	أنصاف الأشقاء (أخ أو أخت غير شقيقة)
Half-sib cousins	ابن العم أو الخال وابنة العمة أو الخالة غير الشقيقة
Half-sib mating	تزاوج الأخوة أنصاف الأشقاء
Half-sib relationship	القرابة بين الإخوة أنصاف الأشقاء
Half-sibs covariance	التغاير الوراثي بين أنصاف الأشقاء
Hardy -Weinberg Rule	قانون هاردي وينبيرج للاتزان بالعشيرة
Herd	القطيع
Heritability	المكافئ الوراثي
Heritability in broad sense	المكافئ الوراثي بالمعنى الواسع أو العريض
Heritability in narrow sense	المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق أو المحدود
Hetero-gametic sex	الجنس غير متماثل الكروموسومات الجنسية
Heterozygosity	نسبة الخليط
Heterozygotes	الأفراد الخليطة
Heterozygous alleles	المواقع الأليلية الخليطة
Homogametic sex	الجنس متماثل الكروموسومات الجنسية
Homologous	تماثل الشكل
Homozygous alleles	المواقع الأليلية المتماثلة
Hornless	عدم وجود القرون
Hydrocephalus in cattle and sheep	مرض استسقاء الرأس في الماشية والأغنام

I

أليلات متطابقة	Identical alleles
توائم صنوية (توائم متطابقة)	Identical twins
الأفراد المهاجرة	Immigrants
مرض فتحة الشرج الناقصة في الأغنام	Imperforate anus in sheep
أباء مرباة داخليا	Inbred parents
التربية الداخلية (أو تربية الأقارب)	Inbreeding
معامل التربية الداخلية	Inbreeding coefficient
التدهور الناتج من إتباع التربية الداخلية	Inbreeding depression
السيادة غير التامة (الناقصة) لأثر الجين	Incomplete dominance
القرابة غير المباشرة	Indirect relationship
الجين المسئول عن تثبيط صبغة الكروموجين لتلوين الريش	Inhibitor gene
التكرار الجينى الأولي	Initial gene frequency
تكرار التراكيب الوراثية الأولية	Initial genotypic frequency
التربية الداخلية الشديدة	Intensive inbreeding
تفاعل أليلي للجينات بين المواقع المختلفة	Inter-allelic interaction
تفاعل أليلي بين الجينات في الموقع الواحد	Intra-allelic interaction
معامل الارتباط داخل المجموعات	Intraclass correlation
طفرة تحدث داخل الجين	Intra-genic mutation
تقنية إنزيمة لوضع خرائط الواسمات الوراثية	Isozymes

L

الجينات المميتة	Lethal genes
الطفرات الضارة أو المميتة	Lethal mutations
الأثر الخطي للتأثير التجمعى	Linear effect
علاقة خطية	Linear relationship
طرز من الحيوانات	Lines
الارتباط بين الجينات	Linkage
ترابط أو مزاملة الجينات	Linkage of genes
الجينات المرتبطة	Linked genes
الموقع الجيني على الكروموسوم	Locus

M

اللحم المرمري	Marbling meat
الأليل الواسمة	Marker allele
تقنية تحليل الحمض النووي أو طريقة البصمة أو التعليم	Marking
تزاوج رجعي	Mated-back
الأليل الأمي	Maternal allele
التأثيرات الأمية	Maternal effects
أنصاف الأشقاء الأمية	Maternal half-sibs
تكرار التزاوج	Mating frequency
التزاوج بين الآباء التي يوجد بينها قرابة	Mating related parents
التزاوج بين الأسلاف التي يوجد بينها قرابة	Mating related relatives

متوسط حاصل ضرب صفتين	Mean cross-product
متوسط المربعات	Mean squares
العشائر البسيطة التي تتكون من أفراد تتزاوج جنسيا وخلطيا	Mendelian population
تقنية التتابعات النيوكليوتيدية الصغرى تستخدم كواسمات لتحديد مواقع الجينات وعمل الخرائط الكروموسومية وتسمى الميكروساتلايت	Microsatelitte
متوسط الأبوين	Mid-parents
الهجرة	Migration
تقنية التتابعات المتعددة وهي رفليبات متباينة في أطوالها وتسمى المينيستليت	Minisatellites
توائم وحيدة الزيجوت (توائم متطابقة)	Monozygotic twins
أقصي مقدرة إنتاجية محتملة	Most probable producing ability
الأليلات المتعددة	Multiple alleles
الأليلات الجسمية المتعددة	Multiple somatic alleles
الجين الذي يزيد من عضلات الظهر	Muscling gene
زيادة العضلات أو ازدواج العضلات	Muscular Hypertrophy
الضغط الطفري	Mutation pressure
معدل الطفور	Mutation rate
الطفرات	Mutations
طفرة لها علاقة بصلاحية النوع	Mutation-type fitness relationship
الضأن	Mutton

N

ظاهرة عري الجسم في الدجاج	Nakedness in poultry
تصميم ثنائي الاتجاه (التصميم المتشعب أو الكنائسي)	Nested design
التباين الوراثي غير التجمعي	Non-additive variance
التأثيرات غير الوراثية المرتبطة ببيئة الأم الداخلية والخارجية	Non-genetic maternal effects
أباء غير مرباة داخليا	Non-inbred parents
أفراد غير مرباة داخليا	Non-inbreds
عدم مزاملة الجينات في تأثيرها على صفتين (الجينات المستقلة)	Non-linked genes
طفرة غير متكررة (طفرة نادرة الحدوث)	Non-recurrent mutation
النقل النووي	Nuclear transfer
الأحماض النووية	Nucleic acids
سلسلة جينية حلزونية	Nucleotide
بسط معامل القرابة	Numerator relationship

O

التراكيب الوراثية الملاحظة	Observed genotypes
تكرار التراكيب الوراثية المشاهدة	Observed genotypic frequency
عدد الأفراد المشاهدة	Observed number
الخانات غير القطرية بمربع التغاير الوراثي	Off-diagonal cells
النسل الناتج	Offspring

Offspring frequencies	تكرارات النسل الناتج
One-sire herd	قطيع ذو طلوقة واحدة
One-way ANOVA	تحليل التباين أحادى الاتجاه
One-way layout	تصميم أحادى الاتجاه
One-way layout	تصميم ذو عامل واحد
Over-dominance	السيادة الفائقة لأثر الجين

P

Parental mating	الآباء المتزاوجة
Parent-offspring covariance	التغاير الوراثي بين الآباء والأبناء
Parent-Progeny	أب وابنته أو أم وابنها
Parent-progeny relationship	القرابة بين الأب والنسل
Parents	الآباء
Partial dominance	السيادة الجزئية لأثر الجين
Paternal allele	الأليل الأبوي
Paternal half-sibs	أنصاف الأشقاء الأبوية
Path	مسار التشابه في القرابة بين فردين
Path coefficients	معاملات العبور
Pedigree	سجل النسب
Permanent correlation	الارتباط الدائم أو الحقيقي
Permanent environment	البيئة الدائمة التي تلازم الحيوان طوال حياته
Permanent environmental variance	التباين البيئي الدائم
Permanent genetic correlation	الارتباط الوراثي الدائم بين الصفات

التلازم المظهري (الارتباط المظهري) بين الصفات	Phenotypic correlation
القيمة المظهرية للفرد	Phenotypic value
التباين المظهري	Phenotypic variation
التأثيرات المتعددة للجين	Pleiotropic effects
جينات متعددة الأثر	Pleiotropic genes
الأثر المتعدد للجين	Pleotropic effect of gene
الصفات التي يحكمها العديد من الجينات	Polygenic characters
تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل لإنتاج تتابعات معينة لقواعد الحمض النووي	Polymerase chain reaction (PCR)
الأشكال المتعددة للواسمات	Polymorphism
وراثة العشائر	Population Genetics
العشيرة المتزنة	Population in equilibrium
متوسط العشيرة	Population mean
صفات الجنس الأساسية	Primary sex characteristics
النسل أو النتاج	Progeny
النسل داخل الأمهات داخل الطلائق	Progeny within dams within sires
قوة التوريث (طبع القطيع بطابع معين)	Propotency
قاعدة آزوتية موجودة بجزئ الحمض النووي DNA	Purine
صفه القزمية في الفئران	Pypmy
قاعدة آزوتية موجودة بجزئ الحمض النووي DNA	Pyrimidine

Q

Quadratic effect	الأثر الغير خطيا للتأثير السيادي
Qualitative characters	الصفات الوصفية
Quantitative characters	الصفات الكمية
Quantitative Traits Loci (QTL)	المواقع الجينية للصفات الكمية

R

Rams	الكباش
Random drift	الجنوح العشوائي
Random mating	التزاوج العشوائي
Real producing ability	المقدرة الإنتاجية الحقيقية
Realized heritability	المكافئ الوراثي المحقق
Recessive sex-linked gene	الجين المتنحى المرتبط بالجنس
Recessive genotype	التركيب الوراثي المتنحي
Recessive mutation	الطفرة المتنحية
Recessives	الأفراد المتنحية
Recurrent mutation	طفرة متكررة
Regression line	خط الاعتماد أو الانحدار
Related dams	أمهات ذات قرابة
Relationship	القرابة
Relationship coefficient	معامل القرابة
Repeatability	المعامل التكراري

Restriction Enzymes	إنزيمات قطع الحمض النووي DNA عند مناطق محددة
Restriction fragment length polymorphism (RFLP)	تقنية شظايا التحديد متعددة الأشكال والأطوال لعمل خرائط للتركيب الوراثي وللحمض النووي
Ribonucleic acid	الحمض النووي RNA الموجود في السيتوبلازم

S

Sample size	حجم العينة
Second cousins (cousins with two grand-parents in common)	أولاد العمومة أو أولاد الخال عن طريق سلفين (جدين) مشتركين
Segregation	عملية انعزال الجاميطات
Selection	الانتخاب
Selection against heterozygotes	الانتخاب ضد التراكيب الوراثية الخليطة
Selection efficiency	الكفاءة الانتخابية
Selection experiments	تجارب الانتخاب
Selection favours heterozygotes	الانتخاب لصالح التراكيب الوراثية الخليطة
Selection intensity	شدة الانتخاب
Selection response	الاستجابة الانتخابية
Selective advantage	ميزة انتخابية
Semi-lethal genes	الجينات شبه المميتة
Semi-lethal mutations	الطفرات شبة المميتة

Sex chromosomes	كروموسومات الجنس
Sex-influenced inheritance	الوراثة المتأثرة بالجنس
Sex-limited inheritance	الوراثة المحددة بالجنس
Sex-linked genes	الجينات المرتبطة بالجنس
Sex-linked inheritance	الوراثة المرتبطة بالجنس
Short tandem repeats (STR)	تقنية المكررات المتسلسلة القصيرة تستخدم كواسمات
Simple tandem repeats (STR)	تقنية المكررات المتسلسلة البسيطة تستخدم كواسمات وراثية
Single nucleotide polymorphism (SNPs)	تقنية الأشكال المتعددة للنكليوتيدات الفردية وتمثل نيكلوتيدة فردية تحتوي على أليلين فقط
Sire families	العائلات الأبوية
Sire groups	المجموعات الأبوية
Sire interaction correlation	معامل الارتباط داخل الطلائق
Sire matings	تزاوجات أبوية
Sire model	النموذج الأبوي
Sire-dam model	النموذج الأبوي-الأمي
Sire-daughter mating	تزاوج الأب بابنته
Sires	الآباء الذكور (الطلائق)
Somatic (autosomal) chromosomes	الكروموسومات الجسمية (الأتوسومية)
Somatic (autosomal) genes	الجينات الجسمية (الأتوسومية)
Somatic cells	الخلايا الجسمية
Son	ابن
Source of variance	مصدر التباين

Special environment	البيئة الخاصة أو البيئة المؤقتة التي يتعرض لها الحيوان وتزول بزوال السبب
Species	النوع من الحيوانات
Standard error	الخطأ القياسي
Statistical model	النموذج الإحصائي
Sum cross-product	مجموع حاصل ضرب صفتين
Sum of squares	مجموع المربعات
Synergistic effect	تقارن الجينات أو تعاون الجينات في تأثيرها على صفتين
System of mating	نظام التزاوج
Systematic factors	عوامل منتظمة

T

Temporary environment	البيئة المؤقتة التي يتعرض لها الحيوان
Temporary environmental variance	التباين البيئي المؤقت
Temporary genetic correlation	الارتباط الوراثي المؤقت بين الصفات
Total genetic variance	التباين الوراثي الكلي
Total sum of squares	مجموع المربعات الكلي
Transferrin electrophoresis	طريقة التفريد الكهربائي للترانسفيرين

U

Unbalanced design	تصميم غير متزن
Un-biased	غير متحيز

الكروموسومات الفردية بالخلايا التناسلية	Univalent chromosomes
أباء غير مرتبطة	Unrelated parents



تقنية المكررات المتسلسلة المتباينة العدد تستخدم كواسمات	Variable numbers of tandem repeats (VNTRS)
مكونات التباين	Variance components

W

الكروموسوم غير المتماثل في الطيور	W-Chromosome

X

الكروموسوم المتماثل في الثدييات	X-Chromosome

Y

الكروموسوم غير المتماثل في الثدييات	Y-chromosome

Z

الكروموسوم المتماثل في الطيور	Z-Chromosome
التكرار (التوزيع) الزيجـوتى	Zygotic frequency

كشاف الموضوعات

أ







ص



ن